



Universidad de Córdoba

Programa de Doctorado de Ingeniería agraria, alimentaria,
forestal y de desarrollo rural sostenible

TESIS DOCTORAL, Mención Industrial

“Establecimiento de las bases genéticas para la mejora del algodón en el Valle del Guadalquivir”

Autora:

Dña. Elena Peláez Andérica

Directores:

Dr. Juan Gil Ligeró: Dto. Genética, Universidad de Córdoba

Dr. Manuel López García: IFAPA, Centro Las Torres-Tomejil, Sevilla

Tutor empresa:

D. Felipe Rey Montero: Algodonera del Sur S.A., Sevilla

Córdoba, marzo 2018

TITULO: *Establecimiento de las bases genéticas para la mejora del algodón en el Valle del Guadalquivir*

AUTOR: *Elena Peláez Andérica*

© Edita: UCOPress. 2018
Campus de Rabanales
Ctra. Nacional IV, Km. 396 A
14071 Córdoba

<https://www.uco.es/ucopress/index.php/es/>
ucopress@uco.es



TÍTULO DE LA TESIS: “Establecimiento de las bases genéticas para la mejora del algodón en el Valle del Guadalquivir”.

DOCTORANDO/A: Elena Peláez Andérica

INFORME RAZONADO DEL/DE LOS DIRECTOR/ES DE LA TESIS

(se hará mención a la evolución y desarrollo de la tesis, así como a trabajos y publicaciones derivados de la misma).

Los directores informan que el trabajo titulado: “Establecimiento de las bases genéticas para la mejora del algodón en el Valle del Guadalquivir”, realizado por Dña. Elena Peláez Andérica, bajo su dirección, se considera ya finalizado. La doctoranda ha concluido igualmente todas las actividades formativas obligatorias del programa de doctorado y se ha publicado con éxito un artículo científico derivado de este trabajo de investigación. Por tanto se considera que el presente trabajo puede ser presentado para su exposición y defensa como Tesis Doctoral en el Departamento de Genética de la Universidad de Córdoba."

Por todo ello, se autoriza la presentación de la tesis doctoral.

Córdoba, 6 de marzo 2018

Firma del/de los director/es

Fdo.: Dr. Juan Gil Ligeró

Fdo.: Dr. Manuel López García

Programa de Tesis en Empresas, cofinanciado por Algodonera del Sur S.A., el Banco de Santander, Ceia3, Ministerio de Educación Cultura y Deporte, y Ministerio de Economía y Competitividad.



MARCO GENERAL PARA LA REALIZACIÓN DE TESIS DOCTORALES EN EMPRESAS DEL SECTOR AGROALIMENTARIO

“Doctores en empresas”, Convocatoria 2013

En el modelo productivo español es necesario impulsar un cambio que apueste por la investigación y la innovación como actividades sistemáticas en todas las empresas, con independencia de su sector y tamaño. La emergencia de una cultura de cooperación entre el sistema público de ciencia y tecnología y el tejido productivo permite a nuestro país estar en mejores condiciones para lograr una sociedad y una economía del conocimiento plenamente cohesionadas, que deriven en un crecimiento más equilibrado, diversificado y sostenible.

En este sentido la Ley 14/2011, de 1 de junio, fue desarrollada para fomentar la investigación científica y técnica a través de instrumentos de coordinación general, con el fin de resolver los problemas esenciales de la sociedad al contribuir a la generación, difusión y transferencia del conocimiento. Esta Estrategia Española de Innovación queda englobada dentro del marco planteado por la Unión Europea en la Estrategia Europa 2020 en la que, con una visión conjunta y un cuadro común de objetivos globales, se persigue alcanzar el 1% sobre el PIB de inversión pública y el 2% de inversión privada en I + D + i, haciendo que la inversión global de los países en I + D + i llegue al 3% de su PIB. Según la experiencia acumulada en España por el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), el fomento de una colaboración equilibrada público-privada genera enormes beneficios para la formación de investigadores y doctores, que son en estos momentos los elementos clave de una sociedad basada en el conocimiento. Por tanto, en el Real Decreto 99/2011, de 28 de enero, quedaron reguladas las enseñanzas oficiales de doctorado en ámbitos empresariales dentro del artículo 15bis, versado sobre “Mención Industrial en el título de Doctor” y que fue incluido posteriormente por el Real Decreto 195/2016, de 13 de mayo. En este RD 99/2011 se regulaba el convenio de colaboración marco entre las partes, los posibles convenios de confidencialidad con empresas y la recomendación de adquirir un alto grado de flexibilidad en la regulación de este tipo de estudios.

Sin embargo, una de las diferencias que aún persisten en el sistema español de I+D+i con respecto a otros sistemas de nuestro entorno, es la baja presencia de doctores en la plantilla de las empresas. Entre otros, se pueden mencionar algunos factores que dificultan la incorporación de doctores a empresas, como la no estandarización oficial del valor añadido del título de doctor frente a la contratación de un titulado superior con especialización, la dificultad del personal contratado en empresas de acceder a estudios de doctorado sin arriesgar su puesto de trabajo o la dificultad de las empresas para conceder excedencias o periodos formativos a su personal, especialmente en la situación económica actual. Por otra parte, en

ocasiones, se ha identificado cierta divergencia entre el perfil altamente especializado investigador de un doctor, orientado mayoritariamente a su carrera profesional en universidades y centros de investigación, y el perfil demandado por la empresa para sus departamentos de I+D+i. La ley 14/2011 incluye precisamente en su Artículo 43 el Plan Estatal de Innovación, que facilita el acceso de las empresas innovadoras a la financiación de sus actividades y proyectos, así como el desarrollo de programas de incorporación a las empresas de doctores y tecnólogos.

En este marco legislativo socio-económico surge en 2013 esta convocatoria pionera de “Doctores en Empresas” del Campus de Excelencia Internacional Agroalimentaria (CeIA3) y financiada por el Banco Santander, cuyo principal objetivo es aumentar la presencia de doctores en el ámbito empresarial del sector agroalimentario mediante una iniciativa de realización de tesis doctorales en empresas que, en el presente caso, integraría la colaboración con la empresa Algodonera del Sur S.A. desde el inicio de las fases formativas y que, además, se conecta con otras acciones impulsadas y/o coordinadas desde el Departamento de Genética Vegetal de la Universidad de Córdoba, el Grupo de investigación AGR-131 de Algodón, Arroz y Maíz del centro IFAPA “Las Torres-Tomejil” (Alcalá del Río, Sevilla), y desde el CeIA3, a través de su Escuela Internacional en Agroalimentación (eIA3) en particular.

Por otro lado, esta convocatoria de “Doctores en Empresas” también persigue el objetivo de mejorar la empleabilidad de los alumnos doctorandos, al enmarcar sus labores doctorales dentro de entornos con situaciones y problemas reales relacionados con las necesidades de la sociedad. En este sentido, estos proyectos doctorales en las empresas poseen un carácter más aplicado y normalmente buscan una rentabilidad a corto/medio plazo. Además, en este ámbito empresarial el alumno de doctorado adquiere un aprendizaje multidisciplinar, una mayor responsabilidad y compromiso, horarios laborales, trabajo autónomo y autodidacta, contactos comerciales, mayor seguridad y autoconfianza de cara al futuro laboral, trato personal con agricultores y clientes, etc. Todos estos valores personales y profesionales favorecidos dentro este tipo de retos doctorales, quizás no queden plasmados en el documento de Tesis que a continuación se expone, pero complementan a la perfección la formación del doctorando consiguiéndose una excelencia científica con un valor reconocido tanto para al sector de investigación público como privado.

Agradecimientos

Cuando alguien inicia y concluye cualquier proyecto en su vida, descubre (si no lo ha hecho antes) que son muchas las personas que han pasado activa o pasivamente por cada una de las etapas del proceso. En esta tesis, han participado quizás más gente de la que a priori aparecen en los documentos oficiales de compromisos y deberes legales por parte de las instituciones y entidades colaboradoras. Esto se debe al carácter realista y aplicado de esta tesis, con múltiples y diferentes circunstancias y necesidades que han tenido que abrirse camino en un nuevo entorno, el industrial, ligado a la investigación, desarrollo e innovación y orientado hacia una sociedad basada en el conocimiento.

Esta aventura comenzó cuando a poco más de una semana para que finalizara el plazo de solicitud de la beca “Doctores en Empresa”, mi café entre amigas fue sorprendido por una llamada llena de entusiasmo desde una empresa localizada en Los Palacios y Villafranca (Sevilla), llamada Algodonera del Sur S.A. (Algosur). Mi petición de realizar la tesis doctoral conjuntamente con ellos fue muy bien recibida y debo agradecer y aplaudir a su Administrador Único, Antonio Martín Antúnez, por haber apostado por la I+D+i y haber confiado en mí. Tras la voz amigable y agradable de esa primera llamada, se escondía uno de mis mayores apoyos dentro de la empresa. Ella era Susana Vilariño Rodríguez, directora de Vitrosur Lab S.L.U., quien también participó en la convocatoria como Doctorando Senior y nuestra relación profesional pronto derivó hacia una relación de amistad y máxima confianza laboral. Sin embargo, a quien debo gran parte de mi conocimiento sobre el cultivo del algodón en Andalucía es a Felipe Rey Montero, Director de Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U. y mi gran mentor y jefe cercano dentro de la empresa. Sus enseñanzas y directrices no sólo quedaron en el algodón, sino que también me adiestró a cambiar mis hábitos y costumbres universitarias por otras profesionalmente más deseables; me enseñó a aguantar broncas y a hacerme entender mejor en un entorno profesional y multidisciplinar, pero no especializado en el campo de la genética vegetal. A través de Felipe pude conocer a Jesús Pallero, mi único compañero de oficina en los primeros años de tesis, con quien sin saberlo habría compartido clases en la Escuela Universitaria de Ingeniería Técnica Agrícola de Sevilla (EUITA). Apoyándonos, las durezas del día a día fueron más livianas y las alegrías mejor celebradas.

Mi otra pequeña gran familia durante mi estancia en Algosur la encontramos unos 15 kilómetros más alejada, enmarcada entre los poblados de colonización de Los Chapatales y Pinzón. En primer lugar, debo mencionar a mi querido Paquito, mi gran compañero y ayudante en la tesis, del que aprendí con sus jóvenes 20 años lo que es la bondad personificada, el duro trabajo del campo y la responsabilidad y entrega que el trabajo y familia requieren. Tanto su padre Manuel como su madre Gracia (y también su novia Rosario y su pequeña Trianita), me han cuidado y ayudado, cediéndome terreno para mis ensayos, culturizándome con la historia algodонера, así como deleitándome con sus gazpachos recién hechos con tomates de la zona

tras las largas y asfixiantes jornadas veraniegas de polinizaciones de algodón en campo. Tras mis vínculos de Los Chapatales, llegó también mi otra pequeña familia campera, los “Doña” de Pinzón. Mis estancias en el campo no habrían sido tan gratas sin la compañía de José y su hermano Rafael. A José siempre le recordaré por su alegría y humildad, persona trabajadora donde las haya y con una vitalidad y energía impropias de personas de su edad. La guinda del pastel era cuando José aparecía con succulentos presentes de los que más me gustan: bolsas de verduras y frutas de su cosecha, eucalipto blanco para mi resfriado, zumitos contra los golpes de calor, almendras, utensilios artesanales de asta de ciervo hechos por su padre, semillas familiares de variedades locales, etc. Tanto a la familia “García Malpartida” como a los “Doña” les debo mi gratitud y mi lealtad, así como a todas las personas que conocí a través de ellos. También quiero recordar a otras personas que durante mis 4 años en Algosur han sido generosas y se han portado muy bien conmigo, que me han facilitado la vida amablemente o que su simple presencia me alegraba el día. Ellos son Auxi, Eduardo, Jose Luis, M^a Angeles, Manolo, Julio, Alonso, Cristina, Fani, Angel Alba, Antonio Martín, Julián, Petri, Ana García, Gaspar, etc. Todos habéis sido mi primera familia laboral, con la que he compartido vivencias, comidas, ferias, risas y hasta décimos de Navidad. Os deseo una feliz vida, plena de ilusiones y logros.

Tras Algosur y las personas con las que más tiempo he compartido, debo recordar a las personas que académicamente han dirigido, prácticamente a distancia, esta tesis. Cronológicamente quiero agradecer los consejos y preocupación por el seguimiento de mi tesis de mi primer director de tesis, el Dr. Manuel López García del IFAPA Las Torres-Tomejil (Sevilla). A continuación, quiero agradecer de manera más determinante, la colaboración, participación y tutelaje de la tesis de Dr. Juan Gil Ligerio (Departamento de Genética, Universidad de Córdoba). Pese a las dificultades de una relación doctorando-dirección a distancia, le debo a Juan el poder finalizar tanto la elaboración de la publicación del artículo científico y del documento de tesis, gracias a su gran experiencia académica e investigadora. Espero también haberle podido enseñar otros detalles curiosos sobre el pasado y presente de la mejora genética del algodón y de su cultivo en Andalucía. Fue durante mi estancia de 7 meses en Córdoba cuando pude conocer a más gente a la que agradecer cosas, especialmente a compañeros doctorandos como yo. Cristina sigue siendo una buena amiga cordobesa que me llevo de allí y que aún hoy sigue presente, cuya aventura de tesis nos ha unido de manera especial. Durante la realización de mis análisis moleculares en los laboratorios de genética de Rabanales, pude conocer a otros compañeros y profesores que me llevo en el corazón, como a Marce, Tere, Kisko, Gabi, Latí, Susana, Rodrigo, Teresa Millán, Roberto, M^a Carmen, Lola, Rocío, Maribel, Alejandro, Marco, Javad, Mennat, Jesús, Ignacio, Camille, Francesca, etc. Todos ellos me hicieron disfrutar del trabajo en el labo y de la vida de la ciudad de Córdoba. No puedo olvidarme de otros investigadores que, amablemente o mediante algún acuerdo de colaboración, me han ofrecido información muy útil o contactos para la realización de mi tesis. Ellos son: Charlenè Bouchaud,

investigadora de arqueobotánica del Museo de Historia Natural-CNRS de París, y Christopher Viot, investigador de algodón del CIRAD de Montpellier (Francia).

Una vez resumidas las personas del entorno de tesis, por fin llegan las personas que día a día en mi espacio personal, han favorecido que yo siga siendo la misma persona constante y luchadora, pero permitiendo mayor facilidad en mis esfuerzos. Es el momento de hablar del mayor pilar emocional de mi vida. Mi familia de sangre y de espíritu. Mi madre, mi padre, mi hermana y nuestra Pili. Ellos han sido mi constante talismán, mi apoyo incondicional, mi mejor medicina, mi mayor academia de la vida, y mi mayor tesoro. Ellos son iconos para mí del camino a seguir, el camino del amor, de la sensibilidad, de la cultura, de la tolerancia, del respeto, de la felicidad inmaterial y de mi pasión por la naturaleza y por todo lo diferente de este planeta. Gracias a los cuatro por aguantarme los berrinches, las pataletas y las quejas; gracias por saber calmar mi fuego inquieto; gracias por entenderme cuando ni yo lo hago; gracias por dejarme siempre ser quien soy; gracias por apoyar mis sueños y levantarme de mis tropiezos; gracias por estar ahí siempre y por educarnos en una mentalidad abierta a los cambios y en potenciar la autoconciencia y la autoconfianza. Los cuatro sois y seréis mi espejo y mi antídoto, por lo que me siento plenamente capacitada para emprender cualquier aventura que me depare tras esta etapa de tesis.

Además de mis padres y hermana, toda mi familia malagueña, especialmente a mi abuela Carmen de casi 104 años que vela por mí, mi familia albaceteña y madrileña, y mis amigos de toda la vida, han sido un apoyo para mí. Mi querido grupo mairenero de amigos, también ha tenido un gran papel en la finalización de esta tesis, no sólo por su apoyo emocional, si no por el efecto desconexión que el estar con ellos me produce. Cualquier plan deportivo, cultural, musical, lúdico o de viajes con ellos, es sello de una buenísima experiencia y de un tiempo de calidad, que me ha posibilitado el poder complementar una formación doctoral y laboral, con una vida plena y feliz, liberando a mi cuerpo del estrés y pequeños acercamientos a la ansiedad y la desesperación que la mayoría de doctorandos sufrimos. Mi querida veciamiga Julia es a quien más le debo mi bienestar mental, ya que nuestras charlas de café siempre resultan en un mejor estado de ánimo desde los 30 años que hace que nos conocemos. MI Antonio, eres y serás mi mejor amigo y tu compañía en estos últimos 10 años ha sido esencial para mi crecimiento personal y emocional y me encanta que sigas a mi lado. Marga, Marina, David, Pablo, Ale, Juan, Gema, Javi, Irene, Iñaki, Miguelito, Rafa, Inés, Marisa, Malena, Esther, Marta, Camille, Tomás, Esteban, Gabi, Juan, etc., todos vosotros y muchos más también merecéis un huequito en estos agradecimientos. Magdalena, tu también tienes tu merecido hueco por haberme guiado este último año frente a mis bloqueos y mis miedos, por haberme permitido nadar en los confines de mi consciente y mi subconsciente ayudándome a ser una mujer más fuerte, decidida y confiada, que reconoce sus virtudes y lucha por calmar sus carencias. Una mujer que sabe reconocer lo que quiere y lo verdaderamente importante. Gelen y Kieran, vuestras pinceladas mágicas sobre estructura e idioma del artículo me dieron el impulso cuando más lo necesitaba. Ezequiel, Edu y Paco fuisteis los mejores ponentes que podía

esperar y gran parte del éxito del seminario os lo debo a vosotros y a vuestra enorme sabiduría y larga trayectoria. Y por último, esta tesis no estaría completa sin el toque artístico de mi cuñi Westi, quien también acabará su tesis de forma victoriosa.

Las aventuras de la vida son emocionantes y excitantes, pero siempre se disfrutan más cuando te rodean y apoyan buenas personas que hacen de la vida un muchito más apasionante.

A mi madre Gloria, mi padre Antonio y mi sestra Cristina de mi amor.

ÍNDICE GENERAL

Resumen y Abstract.....	1
INTRODUCCIÓN GENERAL	5
1. El imperio histórico del algodón	7
1.1. El nacimiento de una materia prima planetaria.....	7
1.2. Otros usos del algodón.....	9
1.3. Perspectivas mundiales del sector algodonero.....	10
2. El cultivo del algodón en España	14
2.1. Historia y presente de la producción algodonera española	14
2.2. Un cultivo de gran relevancia social, económica y agrícola	17
2.3. Repercusiones de la (PAC) en el algodón	18
3. Necesidad de variedades más competitivas y adaptadas.....	22
3.1. Justificación de la mejora genética del algodón europeo	22
3.2. Precocidad y Verticilosis en Andalucía	23
3.3. Calidad de la fibra como baza principal.....	25
4. Variedades de Fibra Extra Larga (ELS)	28
4.1. Algodonera del Sur S.A.....	28
4.2. Híbridos de Fibra Extra Larga (ELS).....	30
5. Complejidad, riqueza y singularidad del género <i>Gossypium</i>.....	34
5.1. Origen y evolución del genoma tetraploide del algodón	34
5.2. Acervos genéticos dentro del género <i>Gossypium</i>	36
5.3. Biología reproductiva del algodón cultivado.....	39
5.4. Descripción de las fibras hilables o largas	43
5.5. Genética del desarrollo de las fibras	44
6. El valor de la Diversidad.....	47
6.1. Recursos genéticos para la mejora vegetal	47
6.2. Uso de marcadores para caracterizar y mejorar	49
6.3. Falta de estudios europeos específicos.....	51
OBJETIVOS DOCTORALES.....	55
MATERIALES Y MÉTODOS.....	59

1. Elección de la colección vegetal de estudio	61
2. Caracterización molecular de la colección nuclear	63
2.1. Extracción de ADN	63
2.2. Genotipado de los marcadores SSR	64
2.3. Análisis de la ploidía	65
3. Caracterización fenotípica de la colección nuclear	66
3.1. Diseño experimental y detalles del ensayo de campo	66
3.2. Caracteres relacionados con la morfología	67
3.3. Caracteres asociados con la producción	69
3.4. Caracteres de calidad de la fibra	70
4. Desarrollo y evaluación de Híbridos Interespecíficos	75
4.1. Elección de parentales y diseño de cruzamientos	75
4.2. Método de hibridación (emasculación y polinización)	76
4.3. Diseño experimental y detalles del ensayo de campo	77
4.4. Caracterización fenotípica de los híbridos	78
4.4.1. Caracteres morfológicos	78
4.4.2. Caracteres asociados con la producción	79
4.4.3. Caracteres relacionados con la calidad de la fibra	79
5. Análisis estadísticos y genéticos	82
5.1. Análisis de la diversidad en la colección de trabajo	82
5.1.1. Análisis de la varianza (ANOVA)	82
5.1.2. Análisis de Grupos	84
5.1.3. Análisis de Componentes Principales (ACP)	84
5.2. Análisis de la ACG y ACE (NC-II)	85
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	89
1. Diversidad molecular de la colección vegetal	91
2. Caracterización fenotípica de la colección de variedades	100
2.1. Caracterización morfológica y productiva	102
2.2. Caracterización de la calidad de la fibra	116
3. Análisis de Componentes Principales (ACP)	121
3. Evaluación de híbridos interespecíficos	129
3.1. Balance de la polinización y desarrollo agronómico del ensayo	129
3.2. Caracterización fenotípica de los híbridos	131
3.3. Análisis de la ACG y ACE (NC-II)	134
ACG	134

ACE.....	139
DISCUSIÓN GENERAL	143
CONCLUSIONES GENERALES.....	153
BIBLIOGRAFÍA.....	157
ANEXOS.....	187

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Izq., mujer Azteca hilando algodón (Beckert, 2016); Dcha., plantas de algodón en forma de ovejas, como las imaginaba y pintaba John Mandeville en el siglo XIV.	7
Figura 2. Evolución de los precios internacionales del algodón bruto en euros/libra (1lb=0,4536 kg) desde octubre de 1998 a junio de 2017, y las perspectivas para los años 2017-2024 cuya variación ha sido derivada del análisis estocástico de OECD/FAO (2015). Fuente: Datos de 1998-2017 procedentes del Cotlook 'A Index' y datos 2017-2024 de "OECD-FAO Agricultural Outlook", OECD Agriculture Statistic (base de datos).	12
Figura 3. 1912, primeras imágenes sobre la recolección de algodón en España; 1919, instalación de la primera desmotadora moderna en Sevilla; 1932, creación del Instituto de Fomento del Cultivo Algodonero situado en Sevilla (antigua Factoría de Tabladilla); 1962, Récord de superficie sembrada, con 346.200 ha.	15
Figura 4. Situación del cultivo del algodón en la campaña de 2016/2017, distribuida por municipios. La estimación del aforo de superficie se ha realizado mediante consulta a las Oficinas Comarcales Agrarias productoras (OCAs) y posterior confirmación con datos aportados por el sector.	16
Figura 5. Evolución histórica entre los años 2004-2014 de: A) Superficie de algodón bruto (miles de hectáreas); B) Producción de algodón bruto (miles de toneladas); C) Rendimiento en algodón bruto (kg/ha); y D) Valor de algodón bruto (millones de euros). Fuente: Ministerio de Agricultura y Pesca, Alimentación y Medio Ambiente, Anuario de estadística 2015.	20
Figura 6. Evolución en los últimos 10 años de los precios medios del algodón bruto pagados al agricultor en España. En color azul se observa la tendencia del precio del algodón convencional o Upland (<i>G. hirsutum</i>) procedentes del MAPAMA y en color rojo el precio del algodón de fibra Extra Larga o ELS (<i>G. barbadense</i> e híbridos interespecíficos) pagado por Algodonera del Sur S.A..	26
Figura 7. La paleohexaploidía en un ancestro eudicota (líneas rojas, amarillas y azules, que representan el contenido cromosómico ancestral), generó un genoma similar al de la uva (abajo a la derecha). Poco después de su divergencia con el cacao (parte inferior izquierda), el linaje <i>Gossypium</i> experimentó un aumento de cinco a seis veces en su ploidía. La fibra hilable evolucionó en el genoma A tras su divergencia del genoma de F. Más tarde, estas fibras evolucionaron tras la fusión de los genomas A y D, hace 1-2 Ma (Millones de años), formando el ancestro común (AtDt) de los algodones tetraploides comerciales <i>G. hirsutum</i> (Upland) y <i>G. barbadense</i> (Pima) (Paterson et al., 2012, Foto modificada).	35
Figura 8. Diversidad y desarrollo morfológico dentro del algodón tetraploide cultivado (<i>G. hirsutum</i> -H- y <i>G. barbadense</i> -B-). De arriba abajo y de izq. a dcha.: desarrollo radicular; forma de la planta; secciones longitudinales de distintos tipos de cápsulas; evolución del desarrollo floral; manchas en los pétalos entre H y B y el híbrido HB en el medio; Forma de las hojas; cápsula madura de B; semillas desmotadas de H arriba, Híbrido HB y B abajo; planta B izquierda (cv. Lanovia) y H derecha (cv. Al-292). (Fuente: imágenes propias y de "Guidelines for the conduct of tests or Distinctiveness, Uniformity and Stability. Protection of Plant Varieties & Farmer's Rights Authority, UPOV").	42
Figura 9. Fibras maduras de algodón observadas al microscopio óptico: A) Fibras con sus torsiones y aplastamiento característico de la madurez; B) Sección de un conjunto de fibras de algodón, donde	

puede apreciarse el lumen o hueco interior de las fibras, así como el distinto grosor de la pared celular secundaria en distintos estados de maduración.	44
Figura 10. Ejemplos de pruebas de amplificación de los 67 marcadores SSR en 2 variedades de algodón Pima (9= Alepo y 15= E-1) y 2 variedades Upland (20= Campo y 28= Amazona), visualizadas en geles de agarosa al 1,5%. Como referencia tenemos a ambos lados el marcador de pesos moleculares Hyperladder 50 pb.....	65
Figura 11. Esquema de la estructura de una planta de algodón, donde pueden distinguirse las ramas fructíferas y vegetativas, y la distribución de los distintos órganos fructíferos (Flores, Cápsulas Verdes y Abiertas, Abcisiones) en los distintos nudos y posiciones fructíferas.....	68
Figura 12. Secciones de una muestra de fibra de algodón observada con microscopio óptico: Izq., Fibras con micronaire de 3,8 tipo PREMIUM; Dcha., Fibras con micronaire de 5,2 (Fuente: Cotton Incorporated).	74
Figura 13. Etapas del proceso de polinización para la obtención de híbridos interespecíficos de algodón: a) Tamaño ideal de las flores <i>G. hirsutum</i> elegidas para emascular, junto a los sépalos dentados; b) misma flor, pero sin sépalos para facilitar la visualización del proceso; c) eliminación de la corola; d) eliminación manual de los estambres con anteras inmaduras (cerradas); e) polinización de la flor emasculada (identificada con etiqueta roja) con el macho <i>G. barbadense</i> correspondiente; f) protección del pistilo emasculado con un trozo de cañita de plástico sellada por arriba e identificación del cruzamiento con etiqueta blanca.	77
Figura 14. Diagrama de Nickerson/Hunter para la clasificación del color de los algodones, según los valores obtenidos del análisis HVI respecto al grado de amarillez (+b: White, Light Spotted, Spotted, Tinged y Yellow stain) y la reflectancia (Rd: Good Middling, Strict Middling, Middling, Strict Low Middling, Low Middling, Strict Good Ordinary, Good Ordinary y Below Grade).	81
Figura 15. Distribución de la colección de 48 variedades de algodón en función de las 2 componentes principales (83% de la variación total) obtenidas a partir de la información molecular ofrecida por 62 marcadores microsatelite (SSR). Se visualizan claramente 3 Grupos que se corresponden con las diferentes especies de la colección, a excepción del Grupo B que contiene a las variedades <i>G. barbadense</i> y a un diploide desconocido (posiblemente <i>G. herbaceum</i>).....	95
Figura 16. Dendrograma de los 48 genotipos <i>Gossypium</i> construido a partir de 62 marcadores SSR y utilizando el algoritmo UPGMA (Figura de Peláez-Andérica et al., 2017).....	96
Figura 17. Valores de intensidad de fluorescencia obtenidos mediante citometría de flujo. El análisis de la ploidía muestra como la accesión desconocida (cv. Kibala) posee un pico G0/G1 de intensidad un tercio menor aproximadamente respecto a la variedad tetraploide Amazona (<i>G. hirsutum</i>).....	98
Figura 18. Incidentes en campo del ensayo de diversidad. A) Grietas de más de 3cm de ancho y 25cm de profundidad, típicas en los suelos arcillosos y expansivos por la falta de agua que además dañan las raíces de las plantas; B) Abcisiones de frutos comunes en algodón debido a la regulación de su floración frente a episodios de déficit hídrico y/o altas temperaturas; C) Plagas de pulgón y mosca blanca; D) Plaga de gusano rosado; E) Plagas de Earias; F) Plaga de <i>Heliothis</i> alimentándose de anteras y pistilo.	101
Figura 19. Comparativa morfológica de 6 de las 9 variedades <i>G. barbadense</i> estudiadas. Pueden apreciarse distintas tonalidades de verde, distintas alturas, distintas formas de las hojas, porte compacto o laxo, y el vigor de la variedad San Diego en comparación con las demás. Estas	

diferencias fenotípicas dentro de <i>G. barbadense</i> , resultaron más llamativas que en las variedades <i>G. hirsutum</i>	104
Figura 20. Detalles morfológicos del material silvestre TEX-1425 y la línea de mejora WC-19NSSL (ambos <i>G. hirsutum</i>). Pueden observarse las hojas de lámina fina y frutos pequeños de TEX-1425, y las características hojas tipo Okra de la variedad WC-19NSSL.....	104
Figura 21. Detalles de la morfología singular del cultivar Kibala en Octubre 2015. A) Grandes diferencias en el estadio de desarrollo entre Kibala y las variedades Upland que la rodean llenas de cápsulas abiertas (CA) y en avanzado estado de senectud de las hojas; B) Tallo principal de Kibala eclipsado por las numerosas y vigorosas ramas vegetativas que abarcan desde el nudo 1 hasta el 14.	105
Figura 22. Detalles de la variedad Fantom (<i>G. hirsutum</i>). A) La mayor altura de todas las variedades Upland (155,7cm); B) Ramas fructíferas muy cortas de apenas 5-8 cm y C) Frutos muy agrupados y compactos.....	107
Figura 23. Síntomas de daños por el ataque del hongo <i>Verticillium</i> . A) Izquierda, cultivar Acala 90 con mayor resistencia al hongo, y derecha, cultivar Avangard 264, el más susceptible del ensayo; B) Síntomas foliares: color parduzco, zonas secas y manchas marrones; C) Vasos xilemáticos en tonos marrones afectados por <i>Verticillium</i>	112
Figura 24. Formación de frutos en la planta de algodón.	114
Figura 25. Distribución de los 43 genotipos de algodón evaluados respecto a las 1ª y 2ª componentes principales (41,77% de la variación total), utilizando datos de 18 caracteres fenotípicos y datos moleculares ofrecidos por 62 marcadores SSR. Se indican los 5 subgrupos de accesiones principalmente diferenciados.	126
Figura 26. Distribución de los 43 genotipos de algodón evaluados respecto a las 1ª y 3ª componentes principales (40,76% de la variación total), utilizando datos de 18 caracteres fenotípicos y datos moleculares ofrecidos por 62 marcadores SSR. Se indican los 4 subgrupos de accesiones principalmente diferenciados.	127
Figura 27. Distribución de los 43 genotipos de algodón evaluados respecto a las 2ª y 3ª componentes principales (34,93% de la variación total), utilizando datos de 18 caracteres fenotípicos y datos moleculares ofrecidos por 62 marcadores SSR. Se indican los 4 subgrupos de accesiones principalmente diferenciados.	128
Figura 28. Se muestra acotado y señalado con flecha, el ensayo de los híbridos experimentales de algodón con tres repeticiones o bloques pertenecientes a este ensayo de Tesis. Comparado con el resto de la parcela que fue sembrada el mismo día, pero con una variedad de algodón Upland (<i>G. hirsutum</i>), se observa un mayor vigor y desarrollo vegetativo tanto en los híbridos interespecíficos de esta Tesis al fondo, como en los otros híbridos experimentales ensayados por Algodonera del Sur S.A. ubicados en la parte delantera de la imagen. Fotografía tomada el 23 de junio de 2016, a los 61 días desde la siembra.	130
Figura 29. Tras un exceso de fertilización nitrogenada y una deficiente regulación del crecimiento, el híbrido comercial Intercott-211 terminó mostrando un exceso de vigor y de masa foliar en esta parcela de Rota (Cádiz), en agosto de 2014. El encamado de los tallos y el entretejido de las ramas emulan un entorno selvático de difícil acceso para la maquinaria.	131

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Datos de pasaporte de las 48 variedades de algodón seleccionadas.	61
Tabla 2. Clasificación de la longitud de fibra	71
Tabla 3. Clasificación de la Uniformidad de la longitud de la fibra.....	71
Tabla 4. Clasificación de la Resistencia de la fibra	72
Tabla 5. Clasificación del Índice de fibras cortas	72
Tabla 6. Clasificación de la Elongación de la fibra	73
Tabla 7. Clasificación del Micronaire de la fibra	73
Tabla 8. Clasificación de la madurez de la fibra.....	74
Tabla 9. Características, origen de mejora y código identificativo del material vegetal utilizado para la obtención y evaluación de híbridos interespecíficos.	75
Tabla 10. Análisis de la varianza y cuadrado medio esperado (CME).....	82
Tabla 11. Análisis de la varianza y cuadrado medio esperado (CME) para un diseño North Carolina II (NC-II) de efectos fijos.	87
Tabla 12. Valores PIC (Contenido de Información Polimórfica), número de alelos encontrados en las 48 accesiones, y también se muestra el rango de tamaño de los alelos detectados en las accesiones de <i>G. hirsutum</i> y <i>G. barbadense</i> , obtenidos a partir de 62 SSR (marcadores microsatélite).	92
Tabla 13. Medias climáticas mensuales del año 2015: Temperatura Máxima, Mínima y Media, así como la Humedad Relativa y Precipitación. Datos procedentes de la estación agroclimática Centro IFAPA Los Palacios y Villafranca (Sevilla).	100
Tabla 14. Resultados del ANOVA entre los 46 genotipos de algodón con 3 repeticiones para 16 caracteres morfológicos y productivos, evaluados en 2015 a los 126 días desde la siembra. También se muestra la heredabilidad en sentido amplio (H^2) dentro de las especies <i>G. hirsutum</i> (n= 35) y <i>G. barbadense</i> (n= 9).	103
Tabla 15. Comparación de medias entre las especies <i>G. hirsutum</i> (n= 35) y <i>G. barbadense</i> (n= 9) de los 9 datos morfológicos evaluados en 2015 a los 126 días desde la siembra. Se usó el método LSD para la separación de medias en grupos homogéneos ($p<0,01$).	106
Tabla 16. Comparación de medias entre las especies <i>G. hirsutum</i> (n= 35) y <i>G. barbadense</i> (n= 9) de los 7 datos productivos evaluados en 2015 a los 126 días desde la siembra. Se usó el método LSD para la separación de medias en grupos homogéneos ($p<0,01$).	113
Tabla 17. Resultados del ANOVA entre 43 genotipos y con 3 repeticiones, para los 7 parámetros de calidad de la fibra tomados en 2015 a los 175 días desde la siembra. También se muestra la heredabilidad en sentido amplio (H^2) dentro de las especies <i>G. hirsutum</i> (n= 33) y <i>G. barbadense</i> (n= 9).	117
Tabla 18. Comparación de medias entre las especies <i>G. hirsutum</i> (n= 33) y <i>G. barbadense</i> (n= 9) de los 7 parámetros de calidad de fibra evaluados en 2015 a los 175 días desde la siembra. Se usó el método LSD para la separación de medias en grupos homogéneos ($p<0,01$).	118
Tabla 19. Matriz de correlación entre los 18 caracteres evaluados en la colección de 43 variedades algodón y las 5 componentes principales (CPs) obtenidas mediante el análisis de componentes principales tras una rotación VARIMAX.	122

Tabla 20. Medias climáticas mensuales del año 2016: Temperatura Máxima, Mínima y Media, así como la Humedad Relativa y Precipitación. Datos procedentes de la estación agroclimática Centro IFAPA Los Palacios y Villafranca (Sevilla).	129
Tabla 21. Resultados del ANOVA entre los 21 híbridos (combinaciones + testigos) con 3 repeticiones, para los 29 caracteres fenotípicos (9 parámetros morfológicos, 10 relativos al potencial productivo y 10 parámetros de calidad de la fibra). Datos tomados en 2016 a los 165 días desde la siembra.	132
Tabla 22. ANOVA para ACG y ACE de los 21 caracteres significativos analizados en los 19 híbridos interespecíficos. Debido a valores faltantes, solo 57 observaciones han sido usadas en el análisis por la falta de datos del híbrido 22x28b (Celia x GW-4269).	135
Tabla 23. ACG de los 4 parentales femeninos Upland (Hembras) y los 5 masculinos Pima (Machos) empleados en la obtención de híbridos interespecíficos. Se muestran los valores y significación para los 21 caracteres fenotípicos que resultaron significativos en el ANOVA.	137
Tabla 24. Valores estimados de ACE en los 19 cruzamientos de algodón obtenidos siguiendo un diseño NCII para los 6 caracteres morfológicos que resultaron significativos.	140
Tabla 25. Valores estimados de ACE en los 19 cruzamientos de algodón obtenidos siguiendo un diseño NCII para los 8 caracteres relacionados con el potencial productivo que resultaron significativos.	141
Tabla 26. Valores estimados de ACE en los 19 cruzamientos de algodón obtenidos siguiendo un diseño NCII para los 7 caracteres de calidad de fibra significativos.	142

INDICE DE ANEXOS

ANEXO I. Información previa sobre los 62 marcadores SSR finalmente utilizados en el estudio de diversidad. En primer lugar, se muestra el motivo repetitivo de cada marcador, las secuencias de sus cebadores, origen de la publicación, naturaleza y posición del marcador (Locus, cromosoma y distancia genética en centimorgan cM), según distintos mapas genéticos (Cmap) consultados (www.cottongen.org/). Finalmente se muestran las condiciones de optimización de cada reacción de PCR, indicándose el triplex (Tx.) que contiene al marcador, el fluorocromo usado (FAM, HEX o NED) (Label), la temperatura de anillamiento (T^a anl.) y la concentración final de $MgCl_2$ (Mg)	189
ANEXO II. Matriz de distancia genética entre las 48 variedades de algodón y calculada a partir del coeficiente de Jaccard.....	196
ANEXO III. Comparaciones de medias ($p < 0,01$) y grupos homogéneos usando el método LSD. Los parámetros morfológicos y productivos han sido evaluados en 46 variedades y los de calidad de fibra en 43 variedades.	199
ANEXO IV. Matriz de correlaciones (43 datos) entre todos los parámetros fenotípicos analizados. Se muestran los valores de correlación de Pearson (r) con sus significaciones.	207
ANEXO V. Coordenadas de las 43 variedades de algodón para cada uno de los componentes principales del análisis.....	209
ANEXO VI. Caracterización de híbridos interespecíficos: Comparaciones de medias ($p < 0,05$) y grupos homogéneos usando el método LSD. Los parámetros morfológicos, productivos y de calidad de fibra han sido evaluados en 19 combinaciones de híbridos y 2 testigos comerciales (Intercott-211 “I-211” e Intercott-670 “I-670”).	210

Resumen

El algodón (*Gossypium* spp.) sigue siendo en la actualidad la principal fuente de fibra de origen natural a nivel mundial, y es uno de los cultivos que más enriquece a la población rural por la alta mano de obra demandada en todo el proceso industrial de la fibra (producción, desmotación, hilatura, tejidos, confección y distribución). Dentro de la Unión Europea, el algodón tiene un papel fundamental en el gran mercado de la moda, pero especialmente a nivel social para los dos únicos Estados productores, Grecia y España, con el 79% y el 21% de la superficie cultivada respectivamente. En estas regiones el algodón y su industria asociada generan más empleo y beneficios que ningún otro cultivo alternativo. Sin embargo, numerosos motivos políticos, bursátiles y de competencia con otras fibras han provocado en los últimos años una gran incertidumbre en el sector algodonero europeo. En España, casi el 100% del algodón se cultiva en Andalucía (principalmente en las provincias de Sevilla y Cádiz), abarcando una superficie en la actualidad de 68,000 ha y la mayoría de regadío. Dadas las peculiaridades climáticas y el riguroso manejo que acontecen en esta zona, la mejora varietal del algodón se presenta como una de las soluciones más sonadas. Por tanto existe la necesidad de ampliar el catálogo de variedades europeas, buscando una mayor sostenibilidad y calidad de la fibra, pero también una mejor adaptación de los ciclos y el vigor de las futuras variedades.

El 95% de la producción mundial de algodón corresponde a la especie *Gossypium hirsutum* (Upland) que ofrece grandes producciones y buena adaptabilidad, pero una aceptable calidad de fibra (categoría “larga”). Sin embargo, la diversidad genética dentro de estas variedades Upland comerciales es baja, y la uniformidad genética está suponiendo muchos obstáculos a los mejoradores. La segunda especie cultivada a nivel mundial es *G. barbadense* (Pima), elegida por su Fibra Extra Larga (ELS) altamente demandada aunque su producción suele ser menor. En Andalucía, las variedades Pima no encajan dado el largo ciclo que poseen y en los últimos años, la empresa Algodonera del Sur S.A., ha estado apostando por los híbridos interespecíficos (*G. hirsutum* × *G. barbadense*) comerciales, que pese a su excesivo vigor para nuestras condiciones climáticas, prometen ser la respuesta a las necesidades del sector. Es en este punto donde surge el proyecto de la presente tesis, al comprobar que apenas había información fenotípica y molecular para apoyar a la mejora del algodón europeo, tanto de nuevas variedades Upland como de híbridos ELS mejor adaptados. Por tanto, el primer objetivo de este trabajo consistió en la selección y caracterización de una colección de 48 variedades comerciales y experimentales de algodón (sobre todo Upland y Pima) con potencial para la mejora. Mediante el uso de una batería de 67 marcadores microsatélites (SSR), un posterior estudio de la filogenia y la toma de datos de campo sobre caracteres morfológicos, de potencial productivo y de calidad de la fibra, pudo constatar la importante diversidad genética y fenotípica contenida en esta colección vegetal, tanto inter como intra especie. Algunas variedades resultaron interesantes como parental donante de ciertos caracteres (Ej.: Fantom o

WC-19NSSL) o fondo genético recurrente (Ej.: Elpida, TM-1, Campo o GW-4269) para futuros procesos de selección y mejora.

Los resultados anteriores, además sirvieron para guiar el segundo objetivo de esta tesis: iniciar un programa de cruzamientos para la futura obtención de híbridos ELS con menor vigor que los testigos comerciales Intercott-211 e Intercott-670. Aunque la aptitud combinatoria específica (ACE) ha sido menos importante que la aptitud combinatoria general (ACG) en la caracterización fenotípica de las 19 combinaciones experimentales de híbridos, se mostró que es posible obtener híbridos mejor adaptados que los testigos a las condiciones de cultivo de Andalucía (menor vigor, ciclos más cortos y buen rendimiento). La variedad Lider (Upland) ha mostrado ser el parental femenino con mejor ACG, pues sus descendencias han mostrado generalmente un menor vigor, ciclos más cortos y buenos rendimientos debido al gran número y peso de los frutos, en comparación con los testigos comerciales. Así que la variedad Lider habría que tenerla en cuenta en nuevas combinaciones híbridas, además de realizar nuevas evaluaciones de estos y otros híbridos en diferentes años o localidades para confirmar los resultados de esta tesis. En conclusión, la mejora genética de nuevas variedades de algodón Upland adaptadas a las condiciones de cultivo europeas, aumentaría la productividad, mejoraría el precio de la fibra, y además en el caso de nuevos híbridos ELS, el precio de la fibra sería mayor por defecto y además se reducirían las pérdidas económicas derivadas de la falta de agua y las plagas, dada la mayor tolerancia y resistencia de los híbridos ante los distintos estreses ambientales. Por tanto, la mejora varietal permitiría un aumento de la rentabilidad del cultivo, y una mejora de la competitividad y sostenibilidad del sector algodonero.

Abstract

Cotton (*Gossypium* spp.) is still the main source of natural fiber worldwide, and is one of the crops that most enriches the rural population due to its high labor demand along the entire industrial process of the fiber (production, ginning, spinning, weaving, confection and distribution). Within the European Union, cotton has a fundamental role in the large fashion market, but especially in the social level for the two producer countries, Greece and Spain, with 79% and 21% of the cultivated area respectively. In these regions, cotton crop and its associated industry generate more employment and benefits than any other alternative crop. However, several political, stock market and competition with other fibers reasons have caused in recent years a great uncertainty in the European cotton sector. In Spain, almost 100% of the cotton is grown in Andalusia (mainly in the provinces of Seville and Cadiz), covering an area of 68,000 ha, mostly irrigated. Given the climatic peculiarities and the rigorous management that occurs in this area, the improvement of the cotton varieties is presented as one of the most talked about solutions. Therefore there is a need to expand the catalogue of European varieties, seeking greater sustainability and fiber quality, but also a better adaptation of the cycles and the vigor of future varieties.

95% of the world cotton production corresponds to the species *Gossypium hirsutum* (Upland) that offers large productions and good adaptability, but an acceptable fiber quality ("long" category). However, the genetic diversity within these commercial Upland varieties is low, and genetic uniformity is posing many obstacles to breeders. The second species cultivated worldwide is *G. barbadense* (Pima), chosen for its highly demanded Extra Long Staple (ELS) although its production is usually lower. In Andalusian climatic conditions, Pima varieties do not fit well given the long cycle they have. In recent years, the company Algodonera del Sur S.A., has been wagered on commercial interspecific hybrids (*G. hirsutum* × *G. barbadense*) whose promise to be the answer to the needs of the sector, despite its excessive vigor for our climatic conditions. It is at this point where the project of the present thesis arises, when checking that there was a scarcity of phenotypic and molecular information to support the improvement of European cotton, both new Upland varieties and better adapted ELS hybrids. Therefore, the first objective of this work consisted in the selection and characterization of a cotton collection of 48 commercial and experimental varieties with potential for improvement (especially Upland and Pima). Through the use of 67 microsatellite markers (SSR), a subsequent study of the phylogeny and the taking of field data on morphological characters, productive potential and fiber quality, we found an important genetic and phenotypic diversity contained in this vegetal collection, both inter and intra species. Some varieties were interesting as a donor parent of certain characters (e.g.: Fantom or WC-19NSSL) or as recurrent genetic background (e.g.: Elpida, TM-1, Campo or GW-4269) for future selection and improvement processes.

The previous results also served to guide the second objective of this thesis: to initiate a crossings program for the future obtaining of ELS hybrids with less vigor than the commercial witnesses Intercott-211 and Intercott-670. Although in the phenotypic characterization of the 19 experimental combinations of hybrids the specific combining ability (SCA) has been less important than the general combining ability (GCA), it was shown that it is possible to obtain better adapted hybrids than the controls to the Andalusian climatic conditions (less vigor, shorter cycles and good performance). Lider variety (Upland) has been shown to be the female parent with the best GCA, as its offspring have generally shown lower vigor, shorter cycles and good yields due to the large number and weight of their fruits, compared to commercial controls. So Lider variety should be taken into account in new hybrid combinations, in addition to making new assessments of these and other hybrids in different years or locations to confirm the results of this thesis. In conclusion, the genetic improvement of new varieties of Upland cotton adapted to European farming conditions, would increase productivity, improve the price of fiber, and also in the case of new ELS hybrids, would reduce economic losses resulting from the lack of water and pests attacks, given the greater tolerance and resistance of the hybrids to different environmental stresses. Therefore, the varietal improvement would allow an increase in crop profitability, and a better competitiveness and sustainability of the cotton sector.



Introducción General

1. El imperio histórico del algodón

1.1. El nacimiento de una materia prima planetaria

Las especies de algodón (género *Gossypium* spp.) han acompañado y enriquecido a las sociedades humanas desde hace miles de años (**Figura 1**). A continuación, se resume la historia de esta materia prima global que ha sido tan decisiva en el desarrollo de nuestra sociedad y que ha ido condicionado nuestro modo de vida hasta la actualidad.

Hasta la fecha, unas semillas del 5,000 a.C. halladas en el Valle del Indo (Pakistán), son los restos arqueológicos más antiguos encontrados sobre el uso del algodón por el ser humano. Fuentes literarias además apuntan a que en este mismo territorio fue donde empezó la hilatura y el tejido del algodón, y así parece confirmarlo el hallazgo de unos fragmentos de tejido elaborados entre los años 3,250 y 2,750 a.C. (Moulherat et al., 2002). Lo curioso es que, antes o después, ese mismo proceso de domesticación agrícola, industrialización textil y difusión comercial del algodón estaría ocurriendo de forma independiente e incluso, simultáneamente, en un amplísimo conjunto de territorios habitados del planeta: desde Guyarat en India a la isla de Célebes en Indonesia, desde las orillas del curso alto del Volta en Ghana a las de Río Grande en la frontera México-Texas, de los valles de Nubia entre Egipto y Sudán a las llanuras del Yucatán en México (Beckert, 2016).

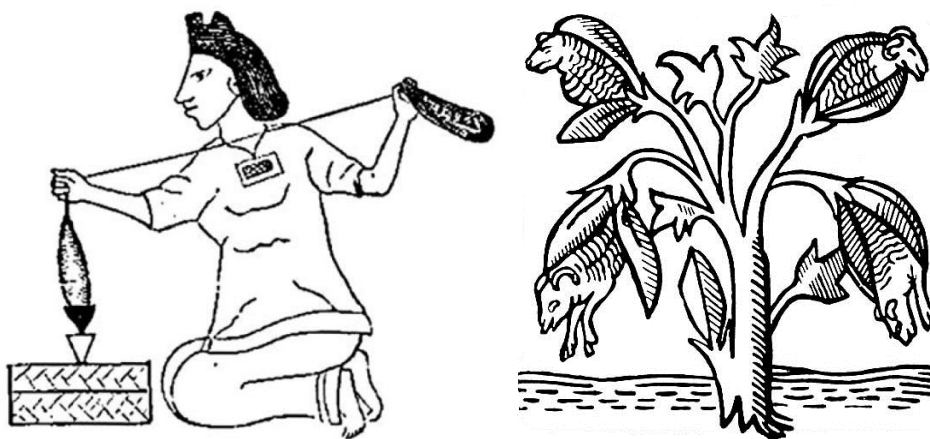


Figura 1. Izq., mujer Azteca hilando algodón (Beckert, 2016); Dcha., plantas de algodón en forma de ovejas, como las imaginaba y pintaba John Mandeville en el siglo XIV.

El uso de esta materia textil a lo largo de la historia por las diferentes sociedades humanas de 4 continentes, tiene su origen en la domesticación y aprovechamiento de 4 especies diferentes de algodón con fibras largas o “hilables”. Estas especies fueron los 2 alotetraploides, *Gossypium hirsutum* L. (AD₁) en América Central y *G. barbadense* L. (AD₂) en Sudamérica, y los dos diploides *G. herbaceum* L. (A₁) en África y *G. arboreum* L. (A₂) en Asia

(Brubaker et al., 1999; Wendel et al., 1989). En estas regiones tropicales, ubicadas entre los 32-35 grados sur y 37 grados norte, se produjo hace unos 10-20 millones de años la dispersión de las distintas especies de algodón, donde habitualmente encontraban periodos de 200 días sin heladas, con temperaturas altas en general (media diaria superior a 15°C) y con mínimas superiores a los 10°C, y una pluviometría de al menos 320-400 mm/año. Estas condiciones climáticas tan poco específicas y exigentes, unidas a la plasticidad morfológica o adaptabilidad de estas especies a la hora de modular su período de floración efectivo, favorecieron la paulatina colonización de todo el territorio tropical de La Tierra por las distintas especies *Gossypium*. Esta repetida domesticación de diferentes progenitores silvestres, representa uno de los casos más excepcionales de evolución paralela dirigida por el hombre (Wendel y Grover, 2015).

La domesticación de estas 4 especies derivó en numerosos cambios en las plantas, que incluyen un hábito anual, insensibilidad al fotoperiodo, floración temprana, cápsulas con mayor tamaño y rendimiento, así como mayor longitud, resistencia y finura de la fibra (Chaudhary et al., 2009). Las características únicas de las fibras de algodón, así como el fácil manejo de su cultivo en zonas tropicales, lo convirtieron rápidamente en la materia prima dominante para la vestimenta a lo largo y ancho del globo, ya que en la mayoría de los casos sus propiedades y aplicaciones superaban claramente a las del lino, ramio, lana, seda y el resto de las fibras empleadas. Esta gran industria textil que comenzaba a resurgir por todo el mundo tuvo su mayor expansión precolombina en torno al 800 d.C. gracias al empuje del Islam (Beckert, 2016). Sin embargo, el gran crecimiento y unificación de las diversas industrias textiles surgidas por todo el mundo no llegaría hasta el descubrimiento de América y sus múltiples recursos naturales. Al llegar los colonos españoles a América, quedaron asombrados por la imponente industria textil que también allí se extendía por todas las culturas del continente americano, siendo México y Perú los principales centros de la industria algodonera precolombina (Beckert, 2016). Sin embargo, la mayor sorpresa fue encontrar almacenes repletos de tejidos de algodón «muy superiores a cualquiera que hubieran visto por la suavidad de su tacto y la habilidad con la que habían sido mezclados los distintos colores» (Donnel, 1872). Y es que el algodón del Nuevo Mundo poseía unas fibras mucho más largas y de mayor calidad que las hasta ahora conocidas, así como una mayor productividad y adaptabilidad ambiental.

Muchos de los conquistadores vieron rápidamente la oportunidad del gran negocio: el mejor algodón del mundo, libertad de expropiar terrenos y mano de obra ilimitada. Lamentablemente, en este contexto de esclavitud colonial y explotación laboral es como se inicia la expansión del dominio imperial del mundo. La mayor parte del algodón producido en el Nuevo Mundo se enviaba a Europa donde la demanda era creciente. Esta situación se mantuvo hasta la guerra civil norteamericana de 1861-1865, en la que se cortó drásticamente el flujo de algodón hacia los países europeos que se vieron obligados a buscar otras fuentes de suministro en Egipto, India o Australia, donde las especies tetraploides de algodón americano (en su

mayoría *Gossypium hirsutum*) irían poco a poco sustituyendo a los diploides allí existentes (*G. arboreum* y *G. herbaceum*). Los talleres de confección (telares) fueron sufriendo un desarrollo exponencial en todo el mundo hasta convertirlos en la primera y más importante industria del mundo hasta 1900. Fue en Manchester y el condado de Lancashire (Reino Unido), donde nació en 1871 la industria textil más grande del mundo hasta ese momento. Esta región procesaba el 32% de la producción de algodón mundial gracias a las importaciones recibidas en el gigantesco puerto de Liverpool (Williams y Farnie, 1992).

La continua necesidad de aumentar y mejorar los procesos de desmotado (separar las fibras de las semillas), hilatura y tejido, forzó el desarrollo de sistemas productivos cada vez más complejos y mecanizados. De hecho, junto a la metalurgia basada en carbón, las máquinas de vapor y la mano de obra barata, la industria textil tuvo un papel muy importante y decisivo en el inicio y establecimiento de la posterior Revolución Industrial del siglo XIX, así como de su evolución hacia el capitalismo y consiguiente sociedad de consumo que hoy conocemos (Beckert, 2016).

1.2. Otros usos del algodón

El algodón sigue siendo en la actualidad la principal fuente de fibra de origen natural, y supone el 33% de consumo total demandado por las industrias textiles (FAO/ICAC, 2013). Y es que no existe otra fibra natural que presente ni la mitad de todas las características deseables combinadas en el algodón, como las excelentes cualidades de blancura, suavidad, resistencia y flexibilidad de sus tejidos.

Sin embargo, cabe destacar también la importancia socioeconómica y humanitaria que suponen los subproductos generados en todo el proceso como las semillas y fibras cortas, utilizadas con fines alimentarios, industriales o para el ganado. Las fibras cortas de tamaño mayor procedentes del primer desmotado, se usan para la fabricación de colchones, tapicería de muebles, aislantes y fregonas e incluso billetes (Gregory et al., 1999). Los restos de fibra de menor tamaño son la principal fuente de celulosa para distintos usos tanto químicos como alimentarios. Entre ellos, los productos dietéticos ricos en fibra, potenciador de la viscosidad (espesante) en helados, aderezos para ensaladas y pasta de dientes. En la industria química las fibras se utilizan para producir derivados de celulosa tales como acetato de celulosa, nitrocelulosa y una amplia gama de otros compuestos (Gregory et al., 1999). Pero el subproducto más cotizado de toda la industria algodonera son las grandes cantidades de semillas producidas tras la desmotación de la fibra bruta de algodón. En primer lugar, se utilizan para la extracción de aceite, pero también para la obtención de harinas y tortas para alimentación animal ricas en proteínas de alta calidad nutricional. De hecho, la industria oleaginosa asociada al cultivo del algodón llegó a ser la segunda en importancia mundial (Xu et

al., 2008) debido al gran volumen de semillas generado en todo el mundo. El aceite de algodón se utiliza en una amplia variedad de productos, incluyendo aceites vegetales comestibles y margarinas, cosméticos, jabones, lubricantes de motores y plásticos. Toda esta diversificación y máxima optimización de los sub productos del algodón, ha traído importantes beneficios humanitarios y económicos. La única precaución del uso del aceite de algodón la encontramos en el límite máximo de su ingesta para alimentación humana y animal por la presencia de sustancias naturales anti nutritivas y tóxicas en las semillas (gosipol y ácidos grasos ciclopropenoides) (OGTR, 2002). Por ello la mejora genética ha contribuido con variedades de semillas más nutritivas y con menos gosipol, especialmente para alimentos y piensos animales (Sunilkumar et al., 2006).

1.3. Perspectivas mundiales del sector algodonero

El Comité Consultivo Internacional del Algodón (ICAC), es una asociación de miembros de países productores, consumidores y comerciantes de algodón, cuya misión es proporcionar transparencia al mercado algodonero mundial, sirviendo como centro de distribución de información técnica sobre la producción de algodón y como foro de discusión sobre temas algodoneros emergentes a nivel internacional. Y es que el cultivo, marketing y procesado del algodón generan beneficios económicos a unos 150 millones de personas (ICAC, 2017a), y aproximadamente 150 países están involucrados en la importación y exportación de algodón (Chen et al., 2007). De hecho, sigue siendo el principal motor económico de muchas zonas rurales del mundo debido a su carácter industrial y a la gran mano de obra asociada (OCDE/FAO, 2015).

En el último año 2016 se obtuvo una producción mundial de 23,07 Millones de toneladas (Mt) de algodón bruto (fibras y semillas), una superficie de cultivo de 29,27 millones de hectáreas, un rendimiento medio de 789 kg/ha, un consumo de 24,55 Mt, importaciones de 7,90 Mt, exportaciones de 8,17 Mt y unas reservas finales de algodón de 18,54 Mt (ICAC, 2017b). Desde hace dos años, encontramos como primer país productor de algodón a India, con una producción en 2016 de 5,75 Mt (Millones de toneladas) tras haber superado a la República Popular China (en lo sucesivo "China"), que quedaría en segundo lugar con sus 5,22 Mt, seguido de EE. UU. (4,17 Mt), Pakistán (2,02 Mt), Brasil (1,52 Mt), Australia (1,04 Mt), Uzbekistán (0,81 Mt), Turquía (0,81 Mt), Burkina Faso (0,30 Mt), Turkmenistán (0,30 Mt), Unión Europea (0,30 Mt), etc. (CottonInc., 2017; ICAC, 2017b). El primer exportador histórico de algodón es EE. UU. con sus 2,94 Mt, seguido de lejos en la actualidad por Australia (0,94 Mt), India (0,91 Mt), Brasil (0,67 Mt), Uzbekistán (0,37 Mt), Unión Europea (0,28 Mt), Burkina Faso (0,28 Mt), etc. La búsqueda de mano de obra barata ha concentrado gran parte del sector de la confección en Asia (Fernandez-Stark et al., 2016) y por tanto las importaciones actuales proceden de países como Bangladesh o Vietnam que son los principales consumidores de algodón con 0,33 Mt y

0,28 Mt, respectivamente. En tercer lugar, habría quedado China con 0,24 Mt, a pesar de haber sido el gran consumidor histórico de algodón llegando a abarcar hasta el 40% de la cuota mundial (CottonInc., 2017).

Según las previsiones del ICAC (2017b), la producción mundial para 2017 aumentará hasta 25,14 Mt, pues se espera un 9% de aumento en la obtención de algodón bruto, así como un 2% de aumento en el consumo. También se espera un aumento del 9% en la superficie cultivada hasta los 31,9 millones de hectáreas, pero la proyección para los rendimientos medios mundiales estima una situación invariable respecto a 2016. De hecho, otros organismos como la OECD/FAO (2015) ya esperaban para el periodo 2015-2024 que EE. UU. siga siendo el primer exportador con el 24%, seguido de lejos por India, Australia, Unión Europea y Brasil. Estas previsiones sugieren de nuevo un aumento continuado tanto del consumo mundial de algodón como de las importaciones en los países productores de textiles como China, India, Pakistán, Turquía, Bangladesh, Vietnam, EE. UU. e Indonesia. Especialmente se espera que India sea quien aumente más sus importaciones, con un incremento del 39% a lo largo de este periodo 2015-2024. Estas previsiones OECD/FAO (2015) también auguran un aumento medio de la producción agrícola mundial de algodón del 3% y un aumento de la superficie de cultivo mundial del 6% al final de este periodo. Hay que mencionar que el crecimiento de la producción se concentraría cada vez más en las zonas de menor rendimiento (Asia meridional y África subsahariana) y por tanto, en el ámbito global, las mejoras de rendimiento se limitarían a una mejora promedio del 1.1% anual.

Por otro lado, estas mismas perspectivas OCDE/FAO (2015) auguran una estabilidad en los precios mundiales del algodón para la segunda mitad del periodo 2015-2024, principalmente debido al fuerte crecimiento relativo en el comercio de algodón impulsado por la previsión del retorno de China a los mercados mundiales. Este detalle es muy significativo, ya que hasta el año 2014 China ha sido el gran importador y consumidor de algodón mundial por la gran cantidad de industrias textiles que allí operaban (CottonInc., 2017). Durante los primeros años de la gran crisis económica de 2008, y utilizando el precio internacional del algodón medido mediante el "Índice A" del Cotlook, encontramos una situación de precios bajos (0,43-0,39 euros/libra) (**Figura 2**). Esto generó que China y en menor medida otros países, potenciaron la adquisición de algodón para aumentar sus reservas nacionales de fibra. Esta maniobra económica estuvo relacionada también durante este periodo con la devaluación del dólar americano, moneda de referencia mundial para fijar los precios del algodón (y de la mayoría de las mercancías de todo el mundo). Este aumento de la demanda de fibra, sumado a la situación de inflación mundial y también americana, llevó a que entre febrero-abril de 2011 se alcanzara el precio más elevado de la fibra de algodón de los últimos 20 años (1,64 euros/libra) (**Figura 2**). El aumento de la rentabilidad mundial de este cultivo llevó a un aumento de la superficie y la producción de algodón. Sin embargo, poco después China comenzó a consumir sus reservas de

algodón y dejó paulatinamente de importar esta materia derivando en una mayor oferta mundial de algodón y en una caída de los precios del algodón en noviembre de 2014 (0,54 euros/libra) (**Figura 2**). Estos mecanismos de oscilación en función de la relación oferta-demanda, están detrás de la inestabilidad histórica de los precios mundiales del algodón convencional o tipo Upland. Esta situación provoca que muchos agricultores de algodón con grandes costes de producción (como los europeos) no obtengan beneficios suficientes sólo con la venta de su producción en los años de precios mundiales a la baja. Por tanto, esta previsión de estabilidad en los precios mundiales hasta 2024 (**Figura 2**), permitirá una visión más optimista en los balances económicos de las explotaciones algodoneras.

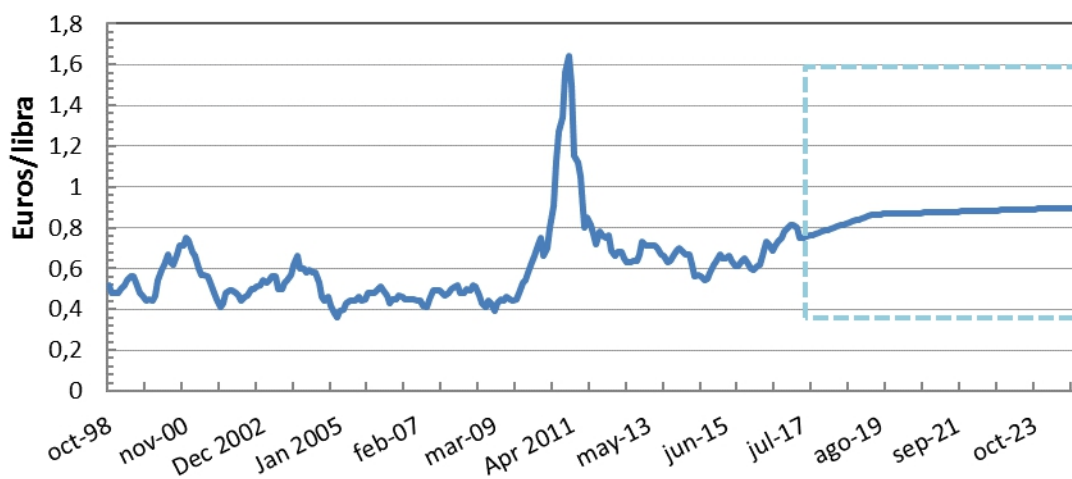


Figura 2. Evolución de los precios internacionales del algodón bruto en euros/libra (1lb=0,4536 kg) desde octubre de 1998 a junio de 2017, y las perspectivas para los años 2017-2024 cuya variación ha sido derivada del análisis estocástico de OECD/FAO (2015). Fuente: Datos de 1998-2017 procedentes del Cotlook 'A Index' y datos 2017-2024 de "OECD-FAO Agricultural Outlook", OECD Agriculture Statistic (base de datos).

Otra fuente importante de incertidumbre en estas perspectivas de la OCDE/FAO (2015), es la constante competencia del algodón con las fibras sintéticas derivadas del petróleo como el poliéster, el nylon o el acrílico, y en menor medida, con fibras celulósicas artificiales como el rayón (viscosa en Europa). En la actualidad, las fibras naturales (algodón, lana, lino o seda) representan tan sólo el 36% del consumo mundial de fibras para la vestimenta, mientras que en 1990 suponían el 60%. Las fibras sintéticas no celulósicas suponen actualmente más del 60% del consumo de fibra, siendo el poliéster la fibra sintética que más ha crecido y que más crecerá hasta 2030 (FAO/ICAC, 2013). Y es que las fibras sintéticas además de ser una elección más barata para el consumidor también suponen una ventaja en los procesos de hilado y tejido. Esto se debe a que las fibras sintéticas son mucho más homogéneas en calibre y longitud, generando hilos uniformes que presentan muy buena resistencia y elasticidad, soportando mejor las

tensiones del hilado y el desgaste de la tintura. Sin embargo, a nivel medioambiental estas fibras sintéticas suponen un lastre para el maltrecho planeta, ya que acarrear un mayor coste energético y contaminante en su producción respecto al algodón (Saha et al., 2012). Otros autores como Browne et al., (2011) descubrieron que la mayor parte de la contaminación plástica analizada en 18 puntos de ribera del mundo, son similares a las micro partículas plásticas derivadas del uso, lavado y deshecho de tejidos sintéticos, pues cada prenda de origen sintético puede desprender hasta 1,900 de estas partículas. Por tanto, muchos gobiernos están dando oportunidades sustanciales a las distintas industrias textiles para que sustituyan las fibras sintéticas por fibras naturales como el algodón (OCDE/FAO, 2015), quien además de ser un recurso natural y renovable, aporta un valor añadido a las sociedades gracias a sus productos de consumo derivados (aceites, harinas, semillas, etc.).

2. El cultivo del algodón en España

2.1. Historia y presente de la producción aldonera española

Desde el subcontinente indio, que ha sido el principal productor y manufacturero hasta bien entrado el siglo XIX, comenzó hace más de 3.000 años la dispersión comercial de las mercancías y técnicas del cultivo e hilatura que, gracias a los jonios y fenicios, llegaría a los países mediterráneos (Zohary y Hopf, 2000; Fuller, 2008). Las primeras referencias literarias del contacto de España con el algodón proceden del siglo I d.C. durante el imperio romano, cuando los comerciantes árabes trajeron exquisitas telas a Italia y España, altamente cotizadas por su fino y suave hilado, así como por sus estampados brillantes y coloridos. Fue más tarde, en el año 961, cuando aparece la primera mención conocida sobre el cultivo del algodón en España procedente del “Calendario de Córdoba” escrito por el agrónomo 'Arib ibn Sa'd quien aconsejaba su cultivo en el mes de marzo (Pellat, 1961). En posteriores escritos de finales del siglo XI, los agrónomos Abu al-Hayr (Cherbonneau y Pérès, 1946) e Ibn Bassal (Millás Vallicrosa y Aziman, 1955) y el geógrafo al-Bakri (Slane, 1965) ya mencionaban la producción de algodón alrededor de Sevilla, Málaga y Cádiz (Bulliet, 2009). Las especies inicialmente traídas por los árabes eran algodones diploides muy rústicos pero poco productivos en comparación con los algodones tetraploides americanos que posteriormente fueron llegando a Europa.

En el siglo XIX, el cultivo de algodón español se extingue debido a la competencia de grandes superficies industrializadas en los Estados Unidos. Esta dependencia exterior tuvo sus consecuencias a comienzos del pasado siglo XX, con la pérdida de nuestras colonias en América y el desencadenamiento de la I Guerra Mundial. Esta situación provocó graves problemas de importación y desabastecimiento de fibra en la industria textil europea y española, principalmente localizada en Cataluña. Fue entonces en 1912 (**Figura 3**) cuando algunos agricultores innovadores iniciaron de nuevo la siembra de algodón a nivel extensivo en el sur de España (Andalucía, Murcia, Alicante, Extremadura). Viendo los altos rendimientos obtenidos, posteriormente de produjeron muchos esfuerzos para promover el apoyo al cultivo del algodón a través de la creación de institutos de investigación nacionales y distintas desmotadoras en las provincias de Sevilla (7), Córdoba (1), Badajoz (1) y Cáceres (2) (**Figura 3**). Esta iniciativa aldonera que ya tiene más de 100 años se vio especialmente favorecida tras la reorganización y reactivación del sector agrícola de 1939, cuyo objetivo era el aumento de la producción tras la guerra civil mediante el aumento de tierras de labor y la superficie de riego. Para ello se crearon entre 1945 y 1970 más de 300 poblados de colonización alrededor de las principales cuencas fluviales que albergarían a unas 55.000 familias. Estas mejoras sociales y de infraestructura, terminaron asentando en España, y de manera más concreta en Andalucía, un sector aldonero firme, competitivo e industrializado.



Figura 3. 1912, primeras imágenes sobre la recolección de algodón en España; 1919, instalación de la primera desmotadora moderna en Sevilla; 1932, creación del Instituto de Fomento del Cultivo Algodonero situado en Sevilla (antigua Factoría de Tabladilla); 1962, Récord de superficie sembrada, con 346.200 ha.

Actualmente en la Unión Europea se producen en torno a 283.000 toneladas de algodón bruto, lo que representa tan sólo el 1% de la producción mundial (CottonInc., 2017). Toda esta producción procede exclusivamente de dos Estados miembros, Grecia (79%) y España (21%) (MAPAMA, 2017), desde que otros países como Bulgaria o Portugal abandonaran su cultivo hace algunos años. El 99,9% de la superficie cultivada de algodón en España se concentra en Andalucía desde hace más de 15 años, si bien han sido sembradas pequeñas superficies en Murcia (MAPAMA, 2017). Esto convierte al algodón español en un cultivo muy andaluz, ya que tanto su superficie de cultivo como su entramado industrial (transporte, almacenamiento y desmotación) se emplazan en Andalucía, a lo largo del Valle del Guadalquivir y en menor medida en los Valles del Genil y Guadalete, abarcando principalmente “La Campiña” y “La Vega” de Sevilla, la “Campiña de Cádiz” y la “Campiña Baja” en Córdoba (**Figura 4**). En la última campaña agrícola de 2016/2017 se obtuvieron en España 166.629 toneladas de algodón bruto y se sembraron un total de 68.164 hectáreas de algodón, sobresaliendo la provincia de Sevilla con el 63% de la superficie de cultivo española, seguida de Cádiz (22%), Córdoba (8,3%) y Jaén (7,3%) (MAPAMA, 2016a; MAPAMA, 2016b). De toda la superficie de cultivo, el 88.4% son

tierras de regadío gracias a la gran mejora realizada en las infraestructuras de riegos y canales a lo largo del Valle del Guadalquivir, convirtiendo al algodón en el cultivo de regadío anual que mayor superficie ocupa con sus 60.278 ha en regadío (por delante del arroz, maíz y remolacha) (MAPAMA, 2016b). Como puede observarse en la **Figura 4**, la zona que engloba los términos de Lebrija, Utrera, Los Palacios y Écija (provincia de Sevilla), son las de mayor densidad de cultivo de algodón y aglutinan el 60 por ciento de la producción española. Y es que dentro en Andalucía la zona del Bajo Guadalquivir, especialmente las Marismas de Lebrija, encontramos una de las agriculturas más intensivas, tecnificadas, especializadas y profesionales del mundo. Este entorno de cultivo y la experiencia de los agricultores que lo trabajan, facilitan que la media de los rendimientos de algodón en España sea una de las más altas del mundo (USDA, 2017) con unos 3.063 kg/ha en 2016 (MAPAMA, 2016b) y muy por encima de los 789 kg/ha de rendimiento obtenidos de media a nivel mundial (ICAC, 2017b). Según el ICAC o Comité Consultivo Internacional del Algodón (ICAC, 2016a), dentro de la Unión Europea España suele obtener generalmente rendimientos superiores a Grecia, entorno a unos 300 kg/ha más por término medio.

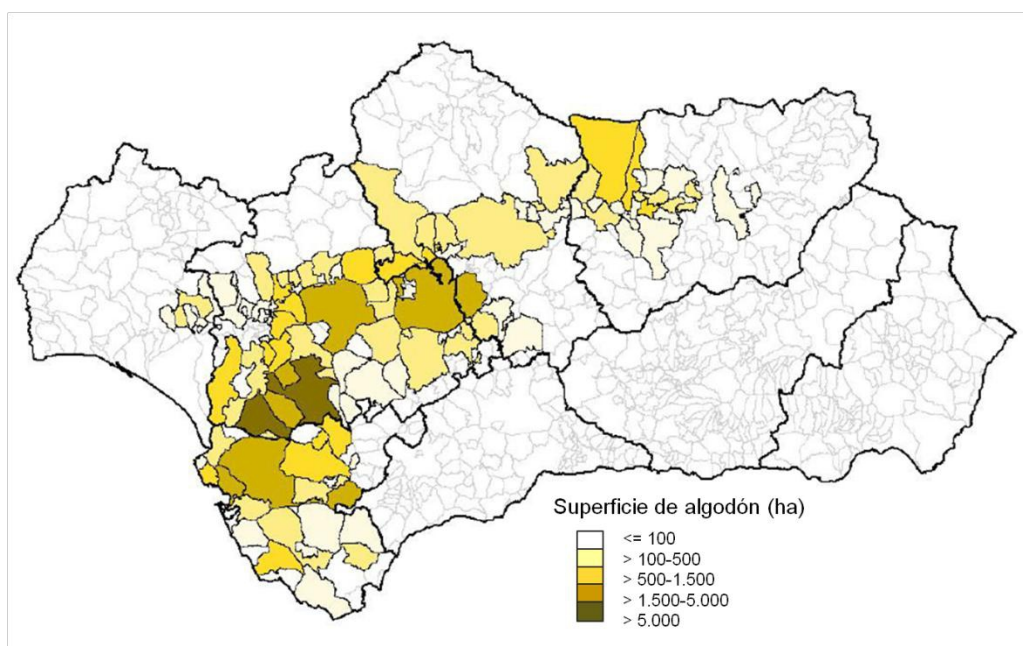


Figura 4. Situación del cultivo del algodón en la campaña de 2016/2017, distribuida por municipios. La estimación del aforo de superficie se ha realizado mediante consulta a las Oficinas Comarcales Agrarias productoras (OCAs) y posterior confirmación con datos aportados por el sector.

Destacar que España es un exportador neto de fibra de algodón (Código del arancel aduanero común: TARIC NC 5201 00). Dentro de la Unión Europea unas dos terceras partes de las exportaciones de fibra van, de media, destinadas a países extracomunitarios, y una tercera parte a la Unión Europea (MAPAMA, 2016c). Los destinos más destacados de las exportaciones españolas de algodón durante el periodo 2013 a 2015 fueron países extracomunitarios como

Bangladesh, Marruecos e Indonesia, cuyas cifras medias anuales durante este periodo fueron 8.000, 7.000 y 6.000 t, respectivamente. Hay que resaltar las exportaciones españolas a Bangladesh en la campaña 2014 (con 17.000 t), coincidiendo también con el volumen de exportaciones récord de la Unión Europea de la última década, con unas 79.000 t exportadas. Las exportaciones españolas hacia China, sin embargo, han ido perdiendo importancia paulatinamente desde el máximo alcanzado en 2011 (con 23.000 toneladas) hasta 2015 en que solo se alcanzaron las 700 t (MAPAMA, 2016c).

2.2. Un cultivo de gran relevancia social, económica y agrícola

Durante el último siglo, el cultivo del algodón ha traído a Andalucía grandes riquezas. Conocido comúnmente como "oro blanco" desde la década de 1960, el algodón es sin duda el cultivo industrial de mayor importancia económica en Andalucía, aunque el girasol sea el de mayor superficie cultivada (MAPAMA, 2016b). Además, el desarrollo y mantenimiento rural andaluz ha estado muy vinculado al algodón debido a su importante carácter social.

Debido a la gran rentabilidad histórica de este sector agroindustrial, el algodón ha sido el único cultivo que ha podido preservar la población rural y mantener las economías de la gran masa de pequeños agricultores que cultiva algodón. Ejemplo de ello se observa en la campaña de 2003, en la que existían 9.418 explotaciones y el 80% tenía un tamaño de explotación reducido (inferior a 10 hectáreas) (Junta de Andalucía, 2005; COAG, 2012). Así que el algodón en Andalucía ha sido un cultivo eminentemente familiar pues mantiene a unas 10.000 familias aproximadamente (Junta de Andalucía, 2005; COAG, 2016). El impacto social del algodón también está relacionado con el elevado número de empleos directos que genera y por sus amplias actividades industriales asociadas. En 2003 el algodón generaba en Andalucía una demanda directa de unos 1,5 millones de jornales al año, representando la mano de obra familiar un 83% de este cómputo (Junta de Andalucía, 2005). En la actualidad según distintas estimaciones, el algodón sigue siendo el cultivo que más mano de obra genera en Andalucía con más de 800.000 jornales altamente cualificados desde el campo, a la industria desmotadora (203 empleos fijos y 530 eventuales) hasta que la fibra es vendida en el mercado internacional y las semillas son procesadas para obtener aceite o subproductos alimenticios (COAG, 2012). Todo este entramado algodonero deja unos 30 millones de euros en las zonas rurales por las labores de recolección, transporte y almacenamiento. Así que la contribución del sector algodonero a la Producción Final Agraria ronda los 300 millones de euros (el 4,12%) y aporta el 5,13% a la Producción Final Agrícola. Por otro lado, las exportaciones españolas de fibra, que suponen casi el 90% del total, oscilan en torno a los 70 millones de euros (COAG, 2016; MAPAMA, 2016b). Todos estos datos económicos tan favorables, permiten que pueblos enteros en Andalucía dependan casi exclusivamente del sector algodonero.

Y ya, por último, el algodón es uno de los cultivos mejor adaptados a esta región del sur de España, donde muy pocos cultivos toleran las temperaturas extremas del verano (más de 40°C), baja humedad relativa y suelos con un moderado contenido salino. Otros cultivos como maíz o trigo muestran más dificultades para crecer en estos suelos, y pueden considerarse cultivos sensibles; la remolacha es tolerante a la salinidad, pero su cultivo dejó de ser rentable por las modificaciones históricas de las Políticas Agrarias Comunes (PAC), y en la actualidad ha quedado reducida a 6,500 ha en Andalucía (MAPAMA, 2016b). Por tanto, el algodón es vital en las rotaciones de cultivos de más de 6.000 explotaciones agrícolas por la falta de alternativas rentables y bien adaptadas que puedan mantener al gran número de pequeñas explotaciones algodoneras que predominan en el campo andaluz.

2.3. Repercusiones de la (PAC) en el algodón

Dentro de la Unión Europea, el algodón no sólo se produce exclusivamente entre Grecia y España, sino que el cultivo está concentrado en las regiones que han sido englobadas hasta 2013 dentro del Objetivo 1. Estas regiones productoras, denominadas de convergencia, han sido: Tesalia, Macedonia, Grecia Central y Tracia en la península helénica, y Andalucía en España, ya que históricamente han tenido un Producto Interior Bruto (PIB) inferior al 75% del PIB medio de la UE. Por tanto, han sido merecedoras de mayor apoyo comunitario a través de fondos estructurales, regionales y de cohesión, además de la Política Agraria Común (PAC). En la actualidad, se ha actualizado la clasificación para el periodo 2014-2020, en el que Andalucía ha pasado a región en transición con PIB entre 75-90% del PIB medio europeo, y por tanto percibe menos subvenciones europeas, mientras que la situación en algunas regiones griegas incluso se ha recrudecido. Debido a la importancia que tienen las políticas de desarrollo rural dentro de la UE, y al decisivo interés social y económico que el algodón genera para tantas familias europeas, el apoyo al cultivo del algodón ha sido una constante dentro de la historia de la PAC.

Actualmente, el algodón es considerado en la Unión Europea un cultivo industrial no alimentario que depende de las ayudas de la PAC para conseguir una rentabilidad clara frente a otros cultivos alternativos. Sin embargo, no ha sido así durante mucho tiempo. Antes de 2006, el algodón español vivía su época de bonanza en la que se alcanzaron los records históricos de mayor superficie sembrada en 1962 con 346.200 hectáreas y la mayor tasa de producción nacional con 388.425 toneladas de algodón bruto en 1999 (MAPAMA, 1962; MAPAMA, 2001). Con el surgimiento de la PAC en 1962 se inicia, en los países que en momento pertenecían a la antigua Comunidad Económica Europea (CEE), la libre circulación europea de productos agrícolas con precios institucionales comunes, el proteccionismo frente a la competencia extracomunitaria y las políticas de ayuda para la financiación de inversiones, formación y subvenciones a la explotación agrícola, garantizando así precios adecuados a agricultores y consumidores. Con estas medidas, se pretendía potenciar la productividad agrícola dañada tras la Segunda Guerra Mundial. La recuperación económica generalizada en la mayoría de los países

del continente europeo llevó a una sobreproducción agrícola de muchos cultivos, entre ellos el algodón, que ocasionó una importante pérdida de rentabilidad en la mayoría de los casos. Fue en 1986 cuando se produce la incorporación de España a la CEE y se instaura el régimen comunitario de ayudas al cultivo del algodón o “pagos deficitarios”. Este crecimiento desmesurado tan problemático de gestionar por las autoridades llevó a la sensibilidad y preocupación de la sociedad por temas como el desarrollo sostenible, el medio ambiente y los derechos humanos en los inicios de la llamada globalización, que culminaron con la Cumbre de la Tierra celebrada en 1992 en Río de Janeiro. Por tanto, a principios de los 90 comienza el límite a la producción (para reducir excedentes), potenciar la capacidad de respuesta frente a cambios en las demandas del consumir y el concepto de agricultura respetuosa con el medio ambiente. Ya en la Agenda 2000 se impone un límite máximo al presupuesto de la PAC, y destaca el elemento esencial de las políticas de desarrollo rural, así como el fomento de la competitividad europea pensando tanto en el abastecimiento interno como en las exportaciones.

Es a partir de 2006, con la entrada en vigor del Reglamento (CE) Nº 1782/2003 del 29 de septiembre de 2003 en el marco de la política agraria común, cuando comienza el declive exponencial del algodón hasta alcanzar mínimos históricos en 2008, tanto de la superficie cultivada (52.600 ha), producción (55.700 t) y rendimientos (1.060 kg/ha) (**Figura 5**). Esta reforma incluyó dos nuevos conceptos novedosos que cambiaron la forma de cultivo hasta la fecha: la disociación y la condicionalidad. La “disociación” supone la ruptura de las ayudas directas y proporcionales a la producción (desacoplamiento). Antes, a mayor producción de algodón obtuvieran los agricultores más subvenciones recibían, por eso era un buen aliciente para ser productivos sin importar los insumos y costes de producción (riegos, fitosanitarios, fertilizantes, defoliantes, etc.) al estar bien recompensados por las ayudas comunitarias. Con estas modificaciones políticas de 2003, las nuevas ayudas específicas del algodón se basaron en la superficie cultivada, se trabajase o no. De esta manera, en cultivos tan intensivos como el algodón donde los costes productivos son tan elevados se pasó de una situación en 2005 de agricultura intensiva y máximos rendimientos (3.990 kg/ha) a una situación de dejadez y paulatina rustificación del cultivo en 2008 con rendimientos mínimos (1.060 kg/ha) (**Figura 5**). Por otro lado, se introdujo además el concepto de “condicionalidad”: para que los agricultores pudieran recibir las ayudas directas, debían respetar las buenas prácticas agrícolas y medioambientales, normas de inocuidad de los alimentos, de sanidad vegetal y de bienestar de los animales. Parte de estas nuevas prácticas, conocidas como pautas de Producción Integrada, suponían la sustitución del 50% de las aplicaciones de productos químicos por métodos de control y/o seguimiento biológico, solo se permitirá el uso de materias activas seleccionadas por el Comité Técnico, reducción de los tratamientos químicos al menos en un 30%, obligación de efectuar rotaciones en cultivos anuales, manejo estricto de purines y urea, no se utilizarán calendarios de tratamientos, eliminación del acolchado plástico, etc.

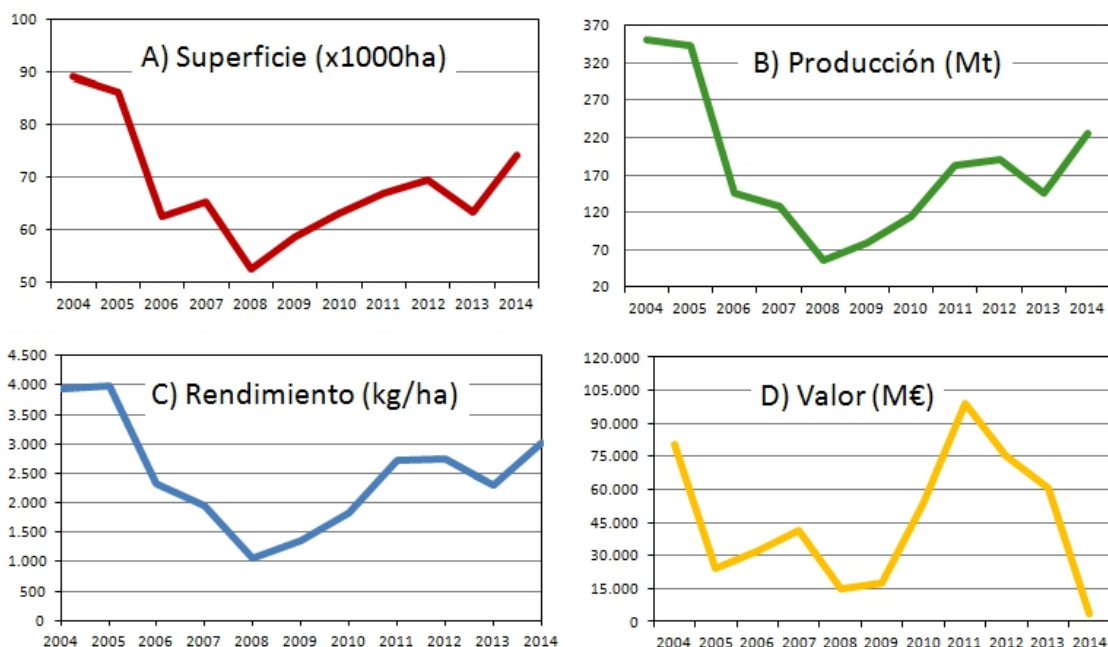


Figura 5. Evolución histórica entre los años 2004-2014 de: A) Superficie de algodón bruto (miles de hectáreas); B) Producción de algodón bruto (miles de toneladas); C) Rendimiento en algodón bruto (kg/ha); y D) Valor de algodón bruto (millones de euros). Fuente: Ministerio de Agricultura y Pesca, Alimentación y Medio Ambiente, Anuario de estadística 2015.

Una última modificación de la PAC de 2013 es la que actualmente nos compete durante el periodo 2015-2020. El nuevo modelo contemplaría los pagos directos, medidas de mercado (organizaciones de productores) y de desarrollo rural. El nuevo régimen de pagos directos estaría basado en el régimen de pago básico (desacoplado de la producción) y otros regímenes de ayuda como "pago verde" o "greening" (prácticas beneficiosas para el clima y medio ambiente, jóvenes agricultores). En el caso del algodón, continúa la ayuda específica al algodón, cuya cuantía depende: del número de solicitudes presentadas (superficie básica nacional de 48.000 ha), de que las variedades estén inscritas en los catálogos comunitarios o Registros comerciales, de la realización obligatoria de rotaciones de cultivo (en parcelas mayores de 10 ha), explotaciones con densidades de plantación mínima (en función de regadío, secano o uso de híbridos interespecíficos de algodón) y poseer una calidad mínima de la fibra de algodón. Para este periodo se regula también la figura del agricultor activo, de forma que no se concedan pagos directos a no ser que la actividad agraria sea significativa (ingresos agrarios distintos de los pagos directos supondrán al menos el 20%), tema que había suscitado muchas críticas con anterioridad.

Todos los esfuerzos de la PAC por conseguir mayor respeto por el medio ambiente dentro del cultivo del algodón se han visto compensados pues en 2015 el 81% de la superficie algodонера española (56.265 ha) seguía las pautas de Producción Integrada, multiplicando por

5,5 la superficie existente en 2004 cuando suponía el 11,7% (Junta de Andalucía, 2015). Sin embargo, muchos agricultores ven con incertidumbre el futuro del algodón una vez terminen las ayudas aseguradas hasta 2020, pues la situación de precios internacionales haría inviable el cultivo del algodón europeo actual sin ayudas con sus altos costes de producción y las normativas vigentes tan estrictas.

3. Necesidad de variedades más competitivas y adaptadas

3.1. Justificación de la mejora genética del algodón europeo

En este periodo 2015-2020 de políticas agrarias, es precisamente cuando hay que demostrar la rentabilidad y competitividad del cultivo del algodón en Europa, modificando alguno o varios de los elementos que conforman su entramado agroindustrial. Ejemplos claros de cómo recuperar la rentabilidad de un cultivo en Andalucía, han sido la transformación del olivar tradicional a ecológico, la implantación de riegos por goteo en el almendro aumentando mucho su producción y calidad, o la introducción de variedades de patata más precoces para una siembra temprana y así cubrir nuevos nichos de mercado. En el caso del algodón, se han analizado varios de los retos a los que se enfrenta, como las modificaciones y restricciones políticas, su competencia con los bajos precios internacionales (donde no hay control ambiental ni laboral), la competencia con las fibras sintéticas y la imposibilidad del uso de algodones transgénicos en Europa.

Además de estos retos, la realidad europea es que muchos agricultores de algodón no disponen de materias químicas efectivas o cuyas dosis máximas permitidas son insuficientes contra plagas muy agresivas como el gusano rosado, *Heliothis* spp. o *Earias* spp. Un inadecuado manejo de las plagas en algodón puede llevar a la pérdida total de la producción, ya que las flores y frutos inmaduros son extremadamente apetecibles para las plagas. A la voracidad de estos insectos, se le une la cualidad ventajosa del algodón para regular su floración en función de la presión de los distintos agentes bióticos o abióticos adversos. Puntualmente, la abscisión natural de órganos dañados o inviables permite al algodón formar frutos más adelante cuando la presión de la plaga, u otro factor medioambiental sea menos lesivo. Esta cualidad del algodón para regular su floración se hace más problemática cuando la planta sufre periodos de estrés hídrico. En estas circunstancias, la planta aborta todos los nuevos botones florales para favorecer la distribución de fotoasimilados hacia los frutos más maduros y, por tanto, más factibles de ser viables. De hecho, la falta de agua se está convirtiendo en uno de los principales problemas a nivel mundial, ya que es un recurso cada vez más preciado por la irregularidad de las lluvias dentro de este clima cambiante. Andalucía es una de las regiones más secas y cálidas de España, y los problemas de erosión y desertificación son cada vez mayores. A pesar de contar con el segundo río más caudaloso de España (el río Guadalquivir), el uso de este recurso hídrico es cada vez más limitado y supone un alto coste para el agricultor. Por ello, es esencial en cultivos con tanta superficie de regadío como el algodón, la optimización y modernización de los sistemas de regadío, pasando de riegos por gravedad o surcos a sistemas de alta presión tipo goteo.

Sin embargo, existen otras mejoras necesarias en el panorama algodonnero y cuyo abordaje sólo puede suceder mediante trabajos de mejora genética varietal. Estas son la mejora

de la precocidad, resistencia a *Verticillium* y mejora de la calidad de la fibra. Encontrar variedades que cumplan con estos dos objetivos, resulta necesario en Andalucía, en parte por la abolición del acolchado plástico en 2006 y del paquete de ayudas acopladas a la calidad en 2015. Y es que actualmente es difícil encontrar buenas variedades de algodón productivas, de ciclo corto o súper corto, y con calidad de fibra superior, que puedan rendir adecuadamente en las peculiares y adversas condiciones climáticas andaluzas.

3.2. Precocidad y Verticilosis en Andalucía

El algodón tiene un largo periodo de cultivo de entre 120-175 días hasta completar su ciclo. En Andalucía normalmente se siembra a finales de abril-principios de mayo y se recoge la fibra en torno a octubre, procurando evitar periodos de heladas y episodios de bajas temperaturas y humedad. Durante el verano (meses de julio, agosto y septiembre), el clima andaluz concentra las condiciones ideales para el cultivo del algodón en regadío, pues no llegan a recogerse más de 10 mm de precipitaciones en total, y además las temperaturas medias suelen estar por encima de los 15,5°C, que es el valor mínimo a partir del cual el algodón puede desarrollarse por su origen tropical. Esta cifra nos lleva a un umbral denominado Unidades de Calor Acumuladas o GD-15,5, y se calcula restándole 15,5°C a la temperatura media diaria, siendo la cifra resultante las unidades de calor acumuladas ese día por el algodón. En Sevilla pueden alcanzarse en un ciclo de cultivo de algodón unas 1.100-1.300 GD-15,5 mientras que en Texas se alcanzan las 2.500 GD-15,5. Conocer la cantidad de unidades de calor acumuladas que cada zona de cultivo ofrece es de suma importancia pues, determinará la longitud más adecuada del ciclo de cultivo de una variedad de algodón, esto es, si se siembran variedades de ciclo corto, medio o largo, lo que a su vez indica un vigor bajo, medio o alto respectivamente. La elección de una variedad con vigor inadecuado para una zona de cultivo determinada implicaría que los recursos están siendo utilizados de manera ineficaz, deficiente o excesiva, y por tanto la elección de variedades con un vigor o ciclo adecuados es de suma importancia para obtener la máxima rentabilidad.

A pesar de que en Andalucía hay suficiente calor acumulado para la siembra de variedades de algodón de ciclo largo, sus marcadas estaciones climáticas no permiten encajar con facilidad sus largos periodos de cultivo y los excesos de vigor son tan habituales que es obligado el uso de reguladores de crecimiento en casi todas las campañas algodoneras. En primer lugar, en la primavera andaluza encontramos problemas con las heladas tardías unidas a las lluvias típicas del mes de abril. Su coincidencia con los primeros estadios de desarrollo tras la siembra, ocasionan importantes daños en la germinación y vigor del algodón, principalmente por el ataque de hongos de suelo. Estos hongos, pertenecientes a los géneros *Verticillium*, *Fusarium*, *Pythium*, *Thielaviopsis* o *Rhizoctonia*, atacan al sistema vascular de las plantas provocando el marchitamiento o Dumping Off, que deriva en un posterior colapso y muerte.

Hasta 2006, los fríos primaverales se solventaban con el uso de acolchado plástico que permitía adelantar el cultivo a marzo y por consiguiente alargar el periodo productivo del algodón. Con esta medida, los agricultores obtenían hasta una tonelada más de algodón bruto por hectárea en cada campaña al poder usar variedades de ciclo más largo y por tanto con mayores producciones. Sin embargo, las ingentes cantidades de plástico desechadas tras la siembra algodonerá en España obligaron a prohibir esta práctica tan contaminante para el medio ambiente. Por otro lado, la recogida de la fibra también puede verse afectada por la llegada de periodos húmedos a finales de septiembre y principios de octubre pues también favorecen la aparición de síntomas de podredumbres fúngicas en las plantas. Además, la lluvia puede arruinar la cosecha de fibra por pérdidas de calidad o por precipitarla al suelo y hacerla inservible. Los agricultores deben por tanto elegir muy bien la fecha de la siembra y de la recogida de la fibra para evitar pérdidas económicas.

Estos inconvenientes climáticos podrían evitarse con la siembra de variedades más precoces que necesiten ciclos de cultivo más cortos y con producciones similares o al menos proporcionales. La demanda de estas variedades está creciendo por las ventajas de manejo que suponen al agricultor al permitir una siembra más tardía y segura (se evitan resiembras), una pronta recogida de la fibra madura y sin humedad (mayor calidad de fibra), y menor riesgo de incidencias de plagas y enfermedades al reducirse el periodo de cultivo (ahorro en fitosanitarios, reguladores de crecimiento, defoliantes, etc.). El problema hasta ahora ha sido, que en el catálogo europeo la mayoría de las variedades *G. hirsutum* de ciclo corto o súper corto disponibles han mostrado mayor susceptibilidad frente a *Verticillium*, el hongo que más pérdidas económicas genera en España. Esta relación directamente proporcional entre la precocidad y la susceptibilidad frente a *Verticillium* ha sido bien documentada en Erdogan et al., (2013). Ejemplo de ello son las variedades búlgaras que muestran una alta precocidad en las condiciones andaluzas pero una devastadora susceptibilidad a este hongo, por lo que su uso no se recomienda en muchas zonas andaluzas con presión natural de esta enfermedad.

La base del problema reside en que el algodón Upland (*G. hirsutum*) que se siembra en Andalucía y el resto del mundo, es especialmente susceptible al ataque del hongo *Verticillium dahliae* Kleb. Esta enfermedad significa importantes pérdidas de rendimiento y calidad de la fibra, y es una de las más destructivas a nivel mundial (Cai et al., 2009; Zhang et al., 2014). El algodón es susceptible en cualquier etapa del desarrollo y suele presentar síntomas como el rizado de las hojas, la defoliación y la pudrición de tejidos vasculares (Cai et al., 2009). La severidad de los síntomas depende del genotipo de algodón, la densidad del patógeno en el suelo, el grado de patogenicidad del mismo (distintas razas del hongo) y de los efectos ambientales (Baytar et al., 2017). El control de esta enfermedad no es fácil por varias razones: la amplia gama de plantas huésped existente, la persistencia durante décadas de los microesclerocios en el suelo, ineficacia de los fungicidas específicos de *V. dahliae* Kleb. y de las prácticas culturales una vez que el sistema vascular está infectado, y la complejidad y bajo nivel

de los mecanismos de resistencia genética en el algodón Upland (Zhang et al., 2014). Al no disponer de un efectivo control químico, la mejor estrategia y la más sostenible es explotar las bases genéticas del algodón para mejorar la resistencia frente a *Verticillium* (Zhang et al., 2017). Los métodos convencionales de mejora han logrado cierto éxito en el desarrollo de resistencia en las líneas de algodón Upland, pero la mayoría de los cultivares comerciales siguen mostrando cierta susceptibilidad a *V. dahliae* (Baytar et al., 2017) pues es difícil encontrar fuentes de resistencia heredable y altamente efectiva en *G. hirsutum* (Wilhelm et al., 1974a). Esta resistencia media puede observarse en algunas variedades como las Acalas o las de tipo Delta, que proceden de las zonas de cultivo del delta del Mississippi. Los entornos subtropicales donde estas variedades han sido mejoradas, favorecen su tolerancia frente episodios de humedad y enfermedades fúngicas. Sin embargo, estas variedades poseen un ciclo de cultivo demasiado largo para el clima andaluz y la realidad es que no son totalmente resistente en condiciones de alta presión de la enfermedad.

Por el contrario, en el algodón Pima (*G. barbadense*) sí se han identificado distintas fuentes de resistencia altamente efectivas. Este algodón posee mecanismos de defensa que restringen la colonización endofítica de *V. dahliae* y la severidad de la infección. Entre ellos cabe destacar los mecanismos físicos o constitutivos que *G. barbadense* posee, como una mayor deposición de lignina, compuestos fenólicos y calosa en la pared celular, y los mecanismos bioquímicos o inducidos como una mayor síntesis de ácido salicílico (Zhang et al., 2017) o factores de transcripción sensibles al etileno (Liu et al., 2017). Sin embargo, no está claro si la fuente de resistencia está controlada por uno o unos pocos genes dominantes (Zhao et al., 2017), y aún no ha sido transferida con éxito a *G. hirsutum* a través de técnicas de mejora tanto convencionales como moleculares (Zhang et al., 2014). De hecho, estudios sobre el transcriptoma de *G. barbadense* y *G. hirsutum* bajo condiciones de *V. dahliae* han demostrado que la resistencia es una respuesta compleja (Xu et al., 2011; Sun et al., 2013). Debido a la importancia de esta enfermedad y viendo que no hay buenas variedades resistentes dentro de los algodones Upland, en algunos sitios del mundo han pasado a cultivar variedades Pima que además ofrecen mayor calidad de fibra, aunque por lo general menores rendimientos. Sin embargo, estas variedades también poseen ciclos de cultivo muy largos para Andalucía y no rinden adecuadamente en años climáticamente más suaves y húmedos.

3.3. Calidad de la fibra como baza principal

La calidad de la fibra de algodón es una de las características que mejor definen al algodón europeo. Tras la caída de la producción y de la calidad de la fibra con la reforma de la PAC de 2003, la Unión Europea se vio obligada a regular dicha situación a través de nuevas políticas que definieran una calidad mínima de la fibra para poder recibir las ayudas específicas del algodón. En el artículo 89 del Reglamento (CE) No 73/2009 del consejo del 19 de enero de

2009, se menciona por primera vez que las ayudas al cultivo se abonarán por un algodón de “calidad sana, cabal y comercial”, esto es, cuando sea entregado y aceptado bajo control del órgano pagador para su desmotado por una desmotadora previamente autorizada. Esta búsqueda de la calidad termina por definirse en 2012, tras la entrada en vigor del Real Decreto 202/2012 del 23 de enero. En la sección 5 de esta normativa, se establece definitivamente el programa nacional para el fomento de la calidad del algodón (Artículo 54), cuyo objetivo es la obtención de una producción de algodón de calidad que facilite su transformación y permita mejorar el precio pagado a los productores, rentabilizando el cultivo y manteniendo las superficies cultivadas. También se exige que el algodón bruto recogido por las desmotadoras no posea un contenido de humedad superior al 11,5% ni un contenido en materias extrañas superior al 5% (exento de restos plásticos). Además, según el Artículo 56, las autoridades competentes podrán establecer varios tramos de ayuda, definiendo para cada uno el importe de la misma, así como otros requisitos relativos a la calidad que dejan decidir a las propias industrias desmotadoras. Por tanto, estas industrias autorizadas han terminado cobrando un papel muy importante en la canalización de las ayudas al agricultor, como así queda finalmente recogido en el Real Decreto 1075/2014 de 19 de diciembre, aplicable a partir del 2015.

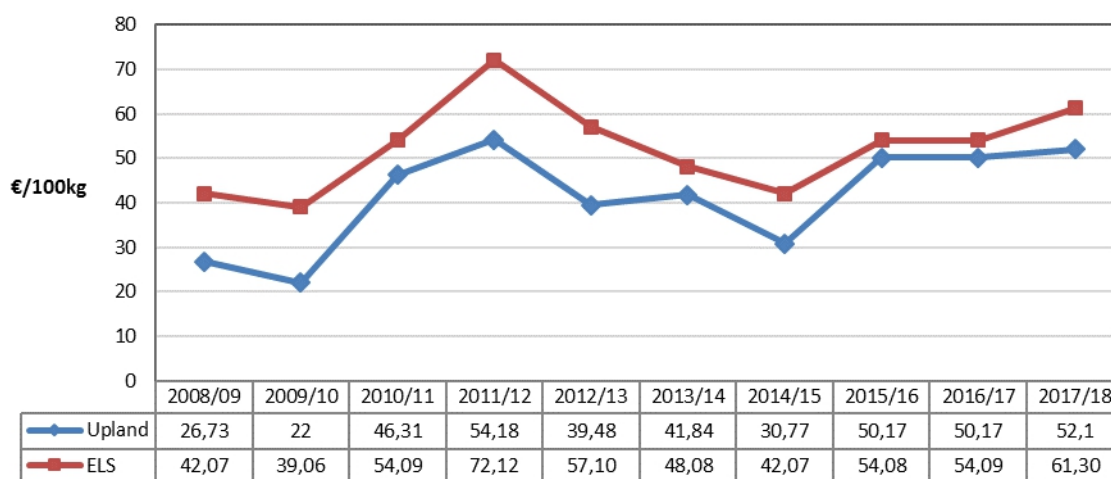


Figura 6. Evolución en los últimos 10 años de los precios medios del algodón bruto pagados al agricultor en España. En color azul se observa la tendencia del precio del algodón convencional o Upland (*G. hirsutum*) procedentes del MAPAMA y en color rojo el precio del algodón de fibra Extra Larga o ELS (*G. barbadense* e híbridos interespecíficos) pagado por Algodonera del Sur S.A..

Junto a los criterios nacionales obligatorios desde 2015, algunas desmotadoras pueden bonificar a los productores si su algodón supera algunos índices de calidad (o se encuentra entre algunos rangos) tras ser analizado mediante equipos HVI (High Volume Instrument) que obtienen distintos parámetros físicos de las fibras. Algunos de ellos, como la resistencia, la longitud o el micronaire de la fibra, son altamente cotizados por las industrias textiles, y por

tanto la desmotadora recibirá un mejor precio en el mercado internacional. Esto permite a las desmotadoras pagar hasta un 31% más de media por las Fibras Extra Largas (ELS) (>34,54mm), por micronaire (finura de la fibra) entre 3,7-4,2 o resistencia de la fibra superior a 31 g/tex. Como puede observarse en la **Figura 6**, el precio de la fibra ELS ha sido siempre superior al algodón convencional o Upland, incluso en los años de bajos precios mundiales como 2008 y 2009. Además, los precios ELS suelen ser más estables que los del algodón Upland, cuyo valor fluctúa enormemente de año en año (Algodonera del Sur S.A., comunicación personal). Por tanto, el interés de los agricultores por estas variedades mejor pagadas, denominadas de Fibra Extra Larga (ELS) y tipo Premium, ha sido cada vez mayor y se han configurado como la mejor opción para rentabilizar el cultivo del algodón en Europa.

4. Variedades de Fibra Extra Larga (ELS)

La “Fibra Extra Larga” (ELS, Extra Long Staple en inglés), es una característica exclusiva de las variedades Pima (*Gossypium barbadense*), y también de sus híbridos interespecíficos derivados, siendo la segunda especie en importancia de cultivo con el 9% de la superficie total de cultivo (Campbell et al., 2010). En la campaña 2016/2017 se produjeron a nivel mundial 471.637 toneladas de ELS, lo que supone un aumento del 20,1% desde el periodo 2013/2014 (Outlook, 2016). En la actualidad, el principal país productor de fibra ELS es China con 170.000 t (+39% respecto a 2015), seguido de EE. UU. con 122.361 t (+30%), India con 90.000 t (-5%), Egipto con 34.125 t (-26%), Turkmenistán con 23.000 t (0%), Israel con 13.000 t (-19%), Perú con 12.000 t (-4%), España con 4.400 t (-9%), Uzbekistán con 1.000 t (0%) y Sudán con 1000 t (+122%) (Outlook, 2016). La tendencia general es hacia el aumento mundial de la superficie cultivada de variedades ELS por las ventajas económicas que ofrece su fibra.

En España, los primeros datos sobre el cultivo de variedades de alta calidad proceden de la zona de Levante, donde algunas variedades Pima y Upland (cultivares Acalas: SJ-2, SJ-5 y Maxxa) fueron sembradas localmente. Sin embargo, la primera vez que España aparece como productor oficial de ELS en la prestigiosa revista Outlook es en 2006, tras establecerse en 2005 la nueva desmotadora Algodonera del Sur S.A. en Sevilla (Outlook, 2010). Actualmente esta desmotadora es la única equipada con rodillos en España para procesar la fibra ELS (Outlook, 2010). Esta condición derivó en un gran interés por la introducción comercial de variedades de alta calidad de fibra que apenas existían en los catálogos europeos. Por tanto, Algodonera del Sur S.A. puso de manifiesto la necesidad de diversificar, estudiar y mejorar las opciones varietales de ELS para Andalucía, así como la introducción de variedades convencionales (*G. hirsutum*) tipo Premium, al poseer calidades de fibra excepcionales o bien grandes rendimientos en fibra que son muy apreciados en países como EE. UU., donde las desmotadoras tienen una gran influencia sobre el cultivo y el beneficio ocasionado por estas variedades es mayor.

4.1. Algodonera del Sur S.A.

Algodonera del Sur S.A. (ALGOSUR) es una empresa de tamaño mediano, constituida en Lebrija (Sevilla) el 11/08/2005 y cuyo CNAE (Clasificación Nacional de Actividades Económicas), fue la “Preparación e hilado de fibras textiles”. Por tanto, el objeto social de ALGOSUR ha girado mayoritariamente en torno al algodón: semillas de siembra de alta calidad, compra de algodón bruto, desmotación y transformación, comercialización de la fibra obtenida y comercialización del sub-producto (semilla sobrante) para alimentación animal. En la actualidad, pese a ser la desmotación del algodón bruto la actividad principal de ALGOSUR, sus actividades agrícolas se han diversificado hacia: la producción, procesado y comercialización de materias primas para consumo humano y animal (quinoa, girasol, stevia, semilla de algodón desmotada para pienso,

etc.); fabricación y venta de concentrado de tomate y conservas vegetales; preparación y selección de semillas para siembra (algodón, girasol, maíz, etc.); comercialización de productos fitosanitarios y explotación de fincas. Todas estas actividades están repartidas entre distintas empresas que pertenecen al grupo comercial de ALGOSUR, como son: Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U., Vitrosur Lab S.L.U., Algosur Pinzón S.L.U., etc.

Cuando ALGOSUR compra las instalaciones de la antigua desmotadora ARGOLESA ubicada en Lebrija (Sevilla), comienza su interés por las variedades de algodón de Fibra Extra Larga (Pima o híbridos Upland × Pima). Y es que, en esta antigua desmotadora, existían 25 máquinas para el procesado del algodón convencional (desmotadoras de sierra), pero también 3 “rolling gin” o desmotadoras de rodillo para la Fibra Extra Larga. Las desmotadoras de sierra son las habituales en cualquier industria desmotadora mundial, ya que procesan mucho más rápido el algodón bruto al cortar la fibra de las semillas. El hecho de cortar las fibras provoca una pérdida de la longitud total de las fibras así como nudos o neps en las mismas. Por ello, para el procesado de las variedades de fibra ELS son necesarias las desmotadoras de rodillos, que arrancan el total de la fibra de la semilla conservando mejor las propiedades físicas de la misma. Como consecuencia de ser la única desmotadora oficial en España con estos sistemas de rodillo, ALGOSUR decidió aprovechar dicha oportunidad y comenzó a estudiar y promover el cultivo de variedades ELS que aportaban mayor calidad de fibra y un mejor precio para los productores. De esta manera, se consiguieron acuerdos para que otras empresas comunitarias o extracomunitarias registraran a través de ALGOSUR distintas variedades ELS en el catálogo comunitario europeo. Este es el caso de la variedad E-1, la primera variedad Pima registrada en España, procedente de la empresa Israel Seeds y promovida por ALGOSUR. A partir de ahí, y con los mismos acuerdos con ALGOSUR, la empresa israelita Hazera Seeds registró la variedad Pima Aleppo y la empresa griega Spirou AEBE registró también sus primeras variedades Pima comerciales llamadas Armada, Lanovia y Lagiralda.

Este impulso empresarial llevó a ALGOSUR a iniciar su propia colección de germoplasma de variedades Pima comerciales utilizadas en climas similares al andaluz (California y zona caucásica) con potencial para ser cultivadas en Andalucía o para su uso en la obtención de híbridos interespecíficos. Debido a los altos rendimientos agronómicos que se obtienen en el tecnificado campo andaluz, ALGOSUR comenzó a apostar con más fuerza hacia los híbridos interespecíficos F1 “*G. hirsutum* × *G. barbadense*”. Esta nueva alternativa varietal beneficiaría por un lado al agricultor al conseguir mayor producción de fibra ELS bajo un buen manejo que con las variedades Pima, y también beneficiaría a la empresa obtentora del híbrido al suponer un importante activo económico. Y es que la comercialización de variedades Pima no posee ninguna protección genética frente al hurto o desfalco por parte de otras empresas de semillas ya que son variedades autógamas y bastaría con un puñado de semillas para multiplicarlas en otro sitio. Sin embargo, los híbridos suponen una patente interna o “copyright genético” para la

empresa ya que desde el punto de vista del obtentor, el desarrollo de cultivares híbridos permite un mejor control de los derechos de propiedad intelectual, incluyendo el control y la protección de las líneas parentales (Tay, 2002), siendo el obtentor el único que podría sacar beneficio de este producto de I+D.

4.2. Híbridos de Fibra Extra Larga (ELS)

La heterosis, comúnmente conocida como "vigor híbrido", es la superioridad de los organismos híbridos en comparación con cualquiera de sus parentales y ha sido explotada en la producción de numerosos cultivos como el arroz o el maíz (Birchler, 2015). En algodón, el vigor híbrido ha sido estudiado y explotado con fines económicos de manera extensiva para mejorar el rendimiento mediante distintas combinaciones como: $H \times H$, $H \times B$, $a \times a$ y $h \times a$ [*Gossypium hirsutum* (H), *G. barbadense* (B), *G. herbaceum* (h) y *G. arboreum* (a)] (Patel et al., 2008). Varios factores como la diversidad geográfica y genética, el rendimiento agronómico, la adaptabilidad y la base genética de las líneas parentales juegan un papel muy importante en la manifestación de la heterosis, que en algodón lleva empleándose desde finales del siglo XIX, cuando el primer híbrido comercial del mundo "Híbrido 4" ($H \times H$) fue desarrollado en la India en 1971 usando emasculación y polinización manual (Patel, 1971). Ese mismo año también se desarrolló el primer híbrido interespecífico $H \times B$ (Katarki, 1971). Estos dos acontecimientos transformaron completamente el panorama del algodón mundial, llegando a más del 20% de la superficie sembrada con híbridos en el año 2006 tanto en China como en India (Dong et al., 2006). De hecho, en la actualidad existen extensas zonas de cultivo donde los híbridos de algodón suponen casi la totalidad del área cultivada y han sustituido la mayor parte del área cultivada por *G. arboreum* (Sapkal et al., 2011). Es el caso de la llanura Indogangética (unas cinco veces la superficie de España) que comprende la mayor parte del norte y este de la India, el este de Pakistán y Bangladés, y que toma su nombre de los ríos Indo y Ganges. En esta región, los daños ocasionados por el gusano americano del algodón (*Heliothis* o *Helicoverpa armigera* H.) han causado la reciente sustitución de las variedades de algodón Upland por híbridos transgénicos de algodón Bt, que ocupan más del 90% de la superficie de cultivo actual (Singh Thinda et al., 2012). La producción de semilla híbrida de algodón en India y China tiene mucho éxito y se realiza de forma rutinaria (Holland, 1999) pues los procesos de emasculación y polinización manuales son habituales y la mano de obra es más barata. Aún así, el precio de la semilla híbrida suele ser entre 5-8 veces superior al precio de las semillas normales (Dong et al., 2003).

Actualmente existe un interés creciente por el desarrollo de buenos híbridos interespecíficos *G. hirsutum* (Upland) \times *G. barbadense* (Pima), pues permiten combinar la gran adaptabilidad y altos rendimientos del algodón Upland con la excepcional calidad de fibra del algodón Pima (Basbag y Gencer, 2007) y su mayor tolerancia frente a *Verticillium dahliae* (Zhou et al., 2011), siendo esta última la única especie cultivada con 52 cromosomas relacionada con el algodón Upland (Boopathi et al., 2011). En general, los híbridos de algodón han mostrado un

20% más de rendimiento en fibra que las variedades no híbridas (Dong et al., 2004) y de forma más acusada, los híbridos H × B muestran mejor eficiencia de desmotado, longitud de fibra, finura de fibra y uniformidad de fibra (Clark et al., 1998, 2000, 2003). Sin embargo, estos primeros híbridos interespecíficos presentaban varios rasgos indeseables, como por ejemplo un crecimiento vegetativo excesivamente vigoroso, maduración tardía y baja uniformidad de fibras, así como la tendencia de producir fibras con una alta proporción de impurezas, nudos y manchas (Hughes y Lalor, 1986).

Hace más de 30 años ya se cultivaban localmente algunos híbridos interespecíficos (Upland × Pima) de Fibra Extra Larga en Andalucía, como las variedades híbridas Etna y Europa procedentes de la empresa de semillas Hazera Seeds Ltd. (Israel). Estas primeras variedades híbridas, mostraban muy poco rendimiento en fibra y no llegaron a cuajar en las condiciones específicas de cultivo andaluz. Fue en 2004 cuando el híbrido Intercott-195 (conocido como Acalpi en Israel y EE. UU.) procedente también de Israel, comienza a generar los primeros resultados positivos en unas primeras 2-5 hectáreas. Este fue el primer híbrido de la empresa conseguido mediante androesterilidad génico-citoplasmática (GCMS), evitándose las emasculaciones manuales y utilizando abejas para polinizar en vez de operarios. Junto a los genes restauradores de la fertilidad (*Rf*), son utilizados dos sistemas CMS en algodón ampliamente reconocidos, CMS-D2 o CMS-D8, que fueron desarrollados mediante la transferencia de citoplasmas de los algodones diploides *G. harknessii* Brandegees (D2) y *G. trilobum* (DC) Skovst (D8), respectivamente, dentro del algodón Upland tetraploide (*Gossypium hirsutum*, AD1) (Meyer, 1975; Stewart, 1992). Sin embargo, este híbrido Intercott-195 tampoco encajó bien en Andalucía al poseer un ciclo muy largo y requerir la aplicación de mucho regulador de crecimiento (tipo PIX). Además, la obtención de este híbrido mediante el uso de abejas para su hibridación comercial mostró ciertos problemas por lo que se canceló su producción a escala mundial (Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U., comunicación personal).

Es en 2006, con el establecimiento de ALGOSUR, cuando se inician unos primeros trabajos organizativos dado el interés comercial generado por estos primeros estudios preliminares de híbridos, y posteriormente el ingeniero agrícola Felipe Rey es contratado en ALGOSUR como experto en algodón y conocedor de las variedades *G. barbadense* portadoras de la fibra extra larga. Bajo su coordinación, ALGOSUR se enmarca en un proyecto de 3 años con el IFAPA “Las Torres-Tomejil” (Alcalá del Río, Sevilla) y la empresa certificadora Citagro, para evaluar el germoplasma ELS disponible en ese momento mediante estudios comparativos y de adaptación. Estos ensayos multilocales a lo largo del Valle del Guadalquivir permitieron analizar una gran cantidad de variedades Upland con varios híbridos del mercado, entre ellos Intercott-195 y un nuevo híbrido prometedor recién registrado en 2007 llamado Intercott-211 (también de Hazera Seeds Ltd.). Este proyecto conjunto ALGOSUR-IFAPA-Citagro, confirmó las grandes ventajas productivas y comerciales que los híbridos ofrecían en Andalucía sobre los algodones

convencionales, como la mayor calidad de fibra, mayor versatilidad/adaptación (especialmente frente a las plagas y estrés hídrico) y mayor resistencia al hongo *Verticillium*, así como una mayor producción especialmente respecto de las otras alternativas ELS (variedades Pima). Por tanto, con estos resultados de híbridos prometedores, comenzó a promoverse y asentarse el cultivo de híbridos interespecíficos en Andalucía (especialmente el híbrido Intercott-211, y en menor escala Intercott-670 e Intercott-701, también obtenidos mediante CMS). En 2009 la empresa Hazera Seeds Ltd. concede los derechos de multiplicación a ALGOSUR para producir y comercializar sus híbridos Intercott en España. Tal ha sido el éxito de los híbridos interespecíficos que su crecimiento ha sido progresivo desde las primeras 540 toneladas de 2006 (Outlook, 2010) hasta las 4.400 toneladas de algodón bruto en 2016 (Outlook, 2016). En la actualidad, la superficie sembrada con híbridos interespecíficos en Andalucía se sitúa en torno a las 6.000 ha (datos de 2015, Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U., comunicación personal) lo que supone el 6% de la superficie de cultivo de algodón.

Pese a la buena acogida y a la creciente demanda de los híbridos interespecíficos en el campo andaluz por sus ventajas de mejor precio de fibra y mayor producción, en la pasada campaña 2016 la producción nacional de ELS (híbridos en su mayoría) se redujo por primera vez desde 2006 en un 9% respecto a la campaña 2015 anterior (4.850 t) (Outlook, 2016). Esto se debió a una falta de semilla híbrida para la siembra (Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U., comunicación personal). El desabastecimiento depende de dos motivos: por un lado debe haber un balance con la capacidad de desmotación potencial para este tipo de fibra, que sólo puede ser procesada para obtener primas mediante las 3 desmotadoras de rodillos de ALGOSUR que limitan mucho la cantidad de fibra ELS procesada; por otro lado encontramos los problemas de disponibilidad de semilla híbrida (problemas climáticos en la multiplicación, de polinización por abejas, por falta de semilla parental desde Israel para las hibridaciones realizadas en España, etc.)

Al margen de los problemas operativos o de dimensionado, estos híbridos procedentes de Israel no llegan a encajar en Andalucía a la perfección. En Israel poseen humedades relativas más altas, de entorno al 60-90%, con largos periodos del cultivo sin lluvias y con rangos de temperatura diarios de 28-35°C. Por tanto, desarrollan variedades de algodón para ciclos largos que respondan bien ante déficits hídricos, y cuyo manejo agronómico es sencillo por la ausencia de disturbios climáticos. En Andalucía, los agricultores juegan más con el crecimiento y la regulación del ciclo del algodón, adaptándolo a las cambiantes condiciones climáticas. Este constante y preciso manejo, hace a los productores de algodón españoles unos de los mejores conocedores de la fisiología y fenología de esta planta. Por tanto, tan sólo en los años con ciclos de cultivo largo como el pasado verano de 2016, los híbridos de Israel pueden demostrar su supremacía y potencial agronómico, por lo que el mayor precio de la semilla y el posible mayor gasto de agua quedan finalmente compensados. Pero lo habitual es disponer de ciclos de cultivo más cortos en Andalucía, y el problema de no poseer nuestras variedades y nuestros propios

programas de mejora de híbridos o de variedades Upland/Pima, es que los agricultores no disponen de variedades 100% adaptadas.

Por tanto, la búsqueda de variedades híbridas mejor adaptadas y producidas por empresas nacionales que puedan adaptarse y aumentar la oferta de semilla, podría terminar asentando la industria de la fibra ELS en Andalucía que para mucho es la única vía de sostenibilidad del cultivo de algodón en España. Esta positiva visión de futuro ha favorecido el interés de ALGOSUR por poseer un nuevo híbrido que, ofreciendo todas las ventajas antes expuestas, posea además un ciclo de cultivo aún menor (mayor precocidad y floración determinada), mayor tolerancia a la sequía/altas temperaturas y mejor calidad de fibra para la industria textil. De esta manera, la empresa podría sacar beneficios tanto de la venta de la semilla híbrida, tanto en Europa (España, Grecia, Bulgaria, etc.) como en otras regiones productoras con clima similar (California, Israel, Turquía, etc.), así como de la venta exclusiva de su fibra extra larga en el mercado internacional al ser la única desmotadora en España con instalaciones que procesen algodones de alta calidad.

5. Complejidad, riqueza y singularidad del género *Gossypium*

5.1. Origen y evolución del genoma tetraploide del algodón

El género *Gossypium* (familia Malvaceae) posee unas 50 especies catalogadas y otras recientemente descritas, distribuidas en las regiones áridas y semiáridas de los trópicos y subtrópicos (Stewart et al., 2015). La gran radiación global de este género fue acompañada no sólo de una sorprendente diversificación morfológica y ecológica, sino también de una amplia evolución del tamaño y estructura cromosómica (Beasley, 1941; Endrizzi et al., 1985; Stewart, 1995; Baudoin et al., 2009). Observaciones colectivas sobre el tamaño cromosómico, el comportamiento de emparejamiento entre distintos cromosomas homólogos y la fertilidad relativa de los híbridos interespecíficos derivados, han permitido el establecimiento de ocho tipos de genomas (A-, B-, C-, D-, E-, F-, G- y K-) que contienen a las distintas 45 especies de algodón diploides ($2n=2x=26$ cromosomas). Cada genoma diploide representa un grupo de especies morfológicamente similares, y aunque todas las especies diploides comparten el mismo número de cromosomas ($n=13$), existen grupos genómicos cuyo tamaño de genoma es hasta tres veces superior al de otras especies pertenecientes a otros genomas diploides (Hendrix y Stewart, 2005). Las cinco especies restantes del género son los alotetraploides ($2n=4x=52$ cromosomas) denominados A_tD_t , donde “t” indica tetraploide por llevar los genomas A y D (Wendel y Cronn, 2003).

De todas las especies de algodón, tan sólo los diploides con genoma A- (*G. herbaceum*= A_1 y *G. arboreum*= A_2) y los tetraploides poseen las preciadas fibras o tricomas seminales (Applequist et al., 2001). El origen y evolución de estas fibras comienza, según Paterson et al., (2012), poco después de la divergencia desde un ancestro común con *Theobroma cacao* hace al menos 60 Ma (Millones de años) (**Figura 7**). Es cuando el linaje del algodón experimentó un abrupto incremento de 5-6 veces en el tamaño cromosómico y comenzaron entonces a configurarse los distintos genomas de algodones diploides. Posteriormente, hace 5-10 Ma, se produjo la divergencia entre los diploides con genoma A nativos de África (poseen fibras largas) y los diploides con genoma D nativos de Méjico (sin fibras). Más tarde, hace 1-2 Ma, estos mismos genomas volvieron a unirse por la dispersión transoceánica de un propágulo materno del genoma A, similar al actual *G. herbaceum* (A_1) desde África hacia el Nuevo Mundo. Una vez en América, se produjo su hibridación con una especie nativa de genoma D similar a *G. raimondii* y una posterior duplicación cromosómica generando una nueva especie alotetraploide. Esta repetida poliploidización (**Figura 7**), terminó confiriendo a los algodones alotetraploides duplicaciones dentro de sus cromosomas 30-36 veces superiores respecto a los genes de la angiosperma ancestral (plantas con flores), siendo esta complejidad genética sólo igualada por el género *Brassica* de entre todas las angiospermas secuenciadas (Wang et al., 2011). De hecho, la gran variación de tamaño de los distintos genomas dentro del género *Gossypium*, es debida tanto a la ploidización, como a la presencia

de gran cantidad de ADN repetitivo (54% en *G. raimondii* y 52% en *G. herbaceum*; Hawkins et al., 2006) y la gran acumulación de elementos transponibles (ET) (el 61% del genoma de *G. raimondii* son ET) (Paterson et al., 2012). Estas peculiaridades, hacen al genoma del algodón tetraploide con sus ~2.700 Mbp (Mega pares de bases) (He et al., 2007), uno de los más grandes dentro de las especies cultivadas secuenciadas, en comparación con el arroz (~450 Mbp; Yu et al., 2005), maíz (~2.300 Mbp; Schnable et al., 2009), soja (~1.115 Mbp; Schmutz et al., 2010), tomate (~900 Mbp; The Tomato Genome Consortium, 2012) o quinoa (~1.400Mbp; Jarvis et al., 2017).

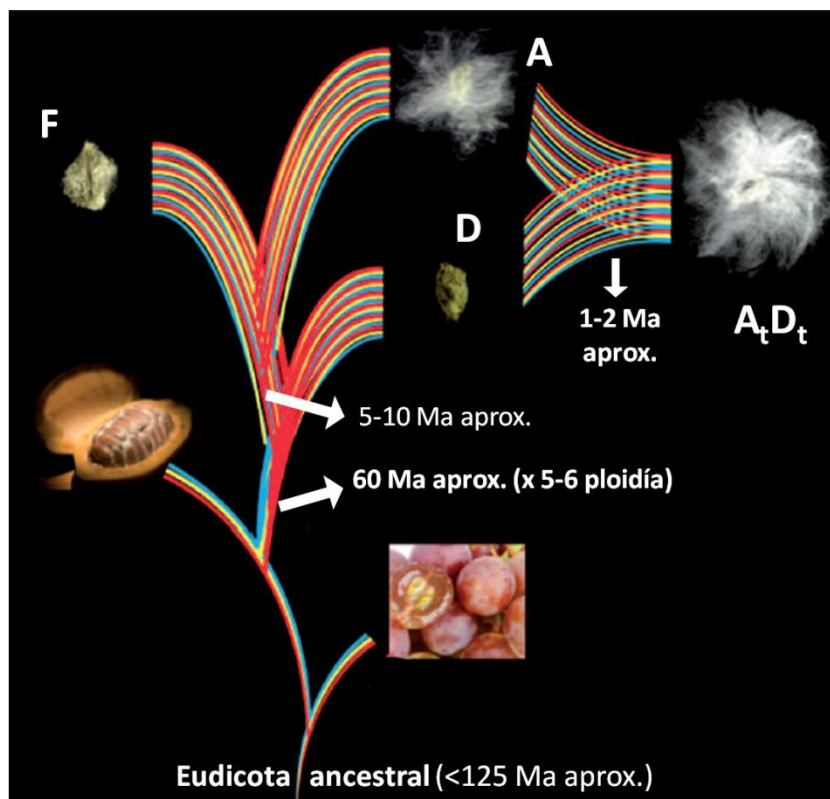


Figura 7. La paleohexaploidía en un ancestro eudicota (líneas rojas, amarillas y azules, que representan el contenido cromosómico ancestral), generó un genoma similar al de la uva (abajo a la derecha). Poco después de su divergencia con el cacao (parte inferior izquierda), el linaje *Gossypium* experimentó un aumento de cinco a seis veces en su ploidía. La fibra hilable evolucionó en el genoma A tras su divergencia del genoma de F. Más tarde, estas fibras evolucionaron tras la fusión de los genomas A y D, hace 1-2 Ma (Millones de años), formando el ancestro común (A_tD_t) de los algodones tetraploides comerciales *G. hirsutum* (Upland) y *G. barbadense* (Pima) (Paterson et al., 2012, Foto modificada).

Existe una gran cantidad de estudios en plantas que documentan la frecuencia de los poliploides en diversos hábitats, sus atributos morfológicos y fisiológicos y su éxito ecológico en relación con los diploides (Stebbins, 1950, 1971; Grant, 1981). Generalmente se asocia la poliploidía con una mayor amplitud ecológica y con nuevas oportunidades evolutivas, quizás debidas a un aumento de la capacidad "amortiguadora" al poseer genes duplicados y un mayor vigor como resultado de la "heterocigosidad fija" de sus genomas duplicados (Wendel y Cronn, 2003). En el caso del algodón, el aumento de la ploidía favoreció una mayor adaptación al medio, pero especialmente una mayor cantidad y longitud de fibra (Chen et al., 2007) debido a una mayor tasa de crecimiento absoluto en los primeros estadios de desarrollo de la fibra y una mayor extensión del proceso de elongación de la fibra (Applequist et al., 2001). Por tanto, unido a la complejidad y peculiaridad genómica del género *Gossypium*, los grupos genómicos A-, D- y A₁D₁ han recibido una atención especial a lo largo de la historia al constituir un marco filogenético ideal para investigar la evolución tanto en términos de producción de la fibra domesticada como de otras propiedades emergentes debidas a la poliploidía (Chen et al., 2007). De hecho, el algodón fue una de las primeras especies en la que los principios mendelianos fueron aplicados (Balls, 1906) y es desde hace mucho un referente modelo en diversas investigaciones bioquímicas, genéticas, sistemáticas y de mejora (Boopathi et al., 2011).

5.2. Acervos genéticos dentro del género *Gossypium*

La gran diversidad presente en el género *Gossypium* se ha generado gracias a la conjunción de múltiples e improbables sucesos tales como la dispersión transoceánica, dispersión a larga distancia y una amplia hibridación entre distintos linajes de algodón muy alejados geográficamente en la actualidad. Por tanto, aunque no se conoce con exactitud el lugar de origen de este género botánico, se sabe que existen principalmente 3 centros primarios de diversidad: Australia (17 especies), el noreste de África y Arabia (15 especies, entre ellas los diploides con genoma A), y el centro-oeste y el sur de México (18 especies) de donde proceden los algodones tetraploides que hoy dominan las producciones mundiales (Fryxell, 1992). Toda esta diversificación de los principales linajes evolutivos, así como la especiación dentro de los distintos grupos del género *Gossypium* ha sido posible por la gran capacidad de dispersión a larga distancia de las especies de este género. Ejemplos de estas dispersiones son: del sur de México a Perú (*G. raimondii* Ulbrich), del norte de México a las Islas Galápagos (*G. klotzschianum* Andersson), de América del Sur occidental a las Islas Galápagos (*G. darwinii* Watt), de África a las islas de Cabo Verde y de los neotrópicos a las islas hawaianas (*G. tomentosum* Nuttall ex Seemann) (Wendel y Percival, 1990; Wendel y Percy, 1990; DeJooe y Wendel, 1992). Estos ejemplos sugieren que la deriva oceánica ha sido un método de dispersión muy común gracias a que las semillas de muchas especies *Gossypium* poseen una alta tolerancia frente a períodos prolongados de inmersión en agua salada (Stephens, 1958 y 1966).

Una de estas dispersiones oceánicas y posterior hibridación y duplicación cromosómica fue la que generó al alotetraploide A_tD_t en el nuevo Mundo que resultó en un nuevo y exitoso clado. Este aloploiploide A_tD_t emergente se propagó rápidamente a lo largo de los trópicos y subtrópicos americanos (Wendel y Cronn, 2003) ya que las nuevas propiedades emergentes debidas a la poliploidía como una mayor adaptación, les permitió progresar incluso en nuevos nichos ecológicos como los litorales marítimos. Y es que según Fryxell (1965 y 1979), en contraste con la mayoría de las especies diploides, las especies aloploiplóides de algodón se encuentran típicamente en hábitats costeros, especialmente las formas verdaderamente salvajes (véase también Brubaker y Wendel, 1994). La capacidad de dispersión marítima permitió la especialización del alotetraploide durante el Pleistoceno en los entornos costeros, ya que durante este periodo eran constantes las fluctuaciones del nivel de mar, y la oportunidad de aprovechar nuevos nichos ecológicos favoreció a este nuevo alotetraploide. Esta dispersión y adaptación a distintas comunidades costeras, permitió la divergencia hacia cinco especies diferentes entre las que se ha reportado una buena conservación de la sintenia y colinealidad según distintas observaciones citológicas (Boopathi et al., 2011). Tres de estas cinco especies tetraploides AD son especies silvestres (Westengen et al., 2005): *G. mustelinum* Miers ex Watt con distribución específica en el Nordeste de Brasil (Wendel et al., 1994), *G. darwinii* endémica a las Islas Galápagos (Wendel y Percy, 1990) y *G. tomentosum* endémica de las islas hawaianas (DeJooe y Wendel, 1992; Hawkins et al., 2005). En la actualidad, el cultivo mundial de algodón comercial ha quedado prácticamente reducido a dos alotetraploides restantes: la especie *Gossypium hirsutum* (AD_1) que abarca el 90% de la producción mundial (Abdurakhmonov et al., 2012) y *G. barbadense* (AD_2) en torno al 9% (Campbell et al., 2010), por tanto conjuntamente aglutinan casi la totalidad de la industria textil y oleaginosa mundial.

El algodón Upland, americano, Acala o convencional (*G. hirsutum*), ha sido la especie más valorada por su gran adaptabilidad ambiental, mayor productividad, buena calidad de fibra y altos rendimientos (Abdurakhmonov et al., 2012). Los hallazgos arqueobotánicos sugieren que el centro de origen, diversidad y domesticación de *G. hirsutum* se encuentra entre México y Guatemala, en torno a la península del Yucatán (Wendel et al., 1995; Brubaker et al., 1999), donde los habitantes de aquellos territorios le conocían como *ichcatl* (algodón) desde que empezara a domesticarse hace 5.000 años. Sin embargo, han sido encontradas multitud de formas botánicas relacionadas en toda América Central, y finalmente el Caribe ha sido considerado también como un segundo centro de diversidad (Brubaker et al., 1999). Dentro de *G. hirsutum* existen por tanto diversos tipos de formas morfológicas, incluyendo tanto accesiones silvestres, primitivas como domesticadas. Según Mauer (1954), existen cuatro grupos de subespecies dentro de *G. hirsutum*: (1) *G. hirsutum* ssp. *mexicanum*, (2) *G. hirsutum* ssp. *paniculatum*, (3) *G. hirsutum* ssp. *punctatum*, y (4) *G. hirsutum* ssp. *euhirsutum* (cultivares domesticados). Estos cuatro grupos de subespecies abarcan a su vez cierto número de razas silvestres y formas predomesticadas primitivas tales como (i) *latifolium*, (ii) *punctatum*, (iii)

marie-galante, (iv) morrilli, (v) palmeri, (vi) yucatanense y (vii) richmondi (Hutchinson et al., 1947).

El algodón Pima (*G. barbadense*), es muy valorado por su excelente calidad de la fibra (longitud, finura y resistencia) aunque generalmente menos productivo que *G. hirsutum*. Su mayor tolerancia frente a enfermedades fúngicas como la verticilosis, han sido bien documentadas (Wilhelm et al., 1974b; Zhang et al., 2012; Zhou et al., 2014; Shi et al., 2016). Las investigaciones sobre la diversidad de esta especie indican que su centro de diversidad y su aparente centro de origen estarían en Perú y Ecuador, de donde se dispersaría hacia Sudamérica oriental, la cuenca del Caribe y finalmente hacia Centroamérica (Fryxell, 1976; Percy y Wendel, 1990). La especie *G. barbadense* puede dividirse en dos razas botánicas, consideradas como formas semi-domesticadas: *brasilense* (semillas agrupadas en forma de riñón) y *barbadense* (con semillas no agrupadas) (De Almeida et al., 2009). La raza *brasilense*, parece haber sido domesticada en la cuenca amazónica y se le considera una forma localmente domesticada del algodón *G. barbadense* (Brubaker et al., 1999; De Almeida et al., 2009). En el último siglo, *G. barbadense* ha sido originalmente cultivado en las islas costeras y tierras bajas de los Estados Unidos, donde se le conoció como algodón Sea Island. Más tarde se introdujeron algunas de estas variedades junto a otras formas de *G. barbadense* en el Valle del Nilo (Giza, Egipto), para acrecentar la producción de fibras largas y finas de alta calidad conocidas como algodón egipcio (Abdalla et al., 2001). Y por último, parte de estas variedades egipcias fueron llevadas de nuevo a las regiones del suroeste de Estados Unidos para terminar convirtiéndose en el actual algodón 'Pima' (su nombre más común).

Según a la clasificación propuesta para las plantas cultivadas por Harlan y de Wet (1971), el acervo o pool genético del algodón cultivado se ha clasificado como primario, secundario y terciario según la facilidad con la que los genes de las especies pueden ser transferidos al algodón cultivado tetraploide Upland en los distintos procesos de mejora (Stewart, 1995; Stelly et al., 2007; Campbell et al., 2010; Abdurakhmonov et al., 2012):

- Acervo genético primario: Incluye a la especie cultivada *G. hirsutum*, al resto de especies alotetraploides (*G. barbadense*, *G. tomentosum*, *G. mustelinum* y *G. darwinii*) y las subespecies y formas silvestres de *G. hirsutum*, que cruzan sin problemas con las líneas cultivadas de *G. hirsutum*, resultando en una recombinación genética directa entre los genomas parentales. La producción de híbridos sexuales dentro de este acervo no requiere de ninguna técnica de hibridación especial más allá de una floración sincronizada.

- Acervo genético secundario: se compone principalmente de las especies diploides A- y D-, debido a su afinidad hacia los correspondientes genomas A_t y D_t de los tetraploides. Este acervo también comprende a las especies con genomas B y F debido a su afinidad con el genoma A. Aquí la producción de híbridos fértiles entre *G. hirsutum* y las especies del acervo

secundario requiere cierto grado de manipulación y algunas veces técnicas especiales. Sin embargo, el potencial de recombinación es alto en los híbridos entre el acervo secundario y el primario.

- Acervo genético terciario: comprende el resto de especies del género *Gossypium* que son indígenas de Australia y algunas de África, pertenecientes a los genomas C, E, G y K, pues poseen una homología reducida respecto a los cromosomas del algodón tetraploide cultivado. Las especies de este acervo genético pueden o no hibridar fácilmente con el algodón tetraploide y producen un nivel muy bajo de recombinación genética.

5.3. Biología reproductiva del algodón cultivado

El algodón cultivado (*G. hirsutum* y *G. barbadense*) se le considera una planta autógama debido a su alta auto-fertilidad y a que su polen es relativamente grande y pesado, y no se dispersa fácilmente por el viento (Jenkins, 1993). Por ello la mayoría de los cultivares son una mezcla de líneas puras estrechamente relacionadas (Saeed et al., 2012). Sin embargo, el algodón posee múltiples nectarios en las hojas y en varias partes de la flor y por tanto es un gran reclamo para los insectos polinizadores (Rhodes, 2002). Esto favorece que a menudo se den las polinizaciones cruzadas y confieren al algodón el estatus de alógama oportunista (McGregor, 1976; Oosterhuis y Jernstedt, 1999).

Se ha documentado un amplio rango de tasas de alogamia que dependen de la localización del estudio, la cantidad y tipo de especie polinizadora presente, el momento del día y de cómo fueran tomadas las medidas (Stephens y Finkner, 1953; Moffett et al., 1975; Elfawal et al., 1976; Moffett et al., 1976; Moresco et al., 1999). Muchas evaluaciones llevadas a cabo en campo han estimado tasas de alogamia en torno al 10% o inferior (Meredith y Bridge, 1973; Gridley 1974; Theron y van Staden, 1975; Elfawal et al., 1976; Umbeck et al., 1991; Llewellyn y Fitt, 1996). En algunos casos han sido documentadas estimaciones más altas entre el 16,5% y 25% (Smith, 1976; Moresco et al., 1999) y en algunas circunstancias, se han llegado a registrar tasas de alogamia del 80% (Richmond, 1951; Oosterhuis y Jernstedt, 1999). Sin embargo, estas tasas se calculan mediante el número de visitas de insectos que las flores reciben, y pueden estar sobrestimadas ya que muchos polinizadores potenciales se dirigen preferentemente a los nectarios en lugar de al polen (Moffett et al., 1975; Rao et al., 1996). Lo que sí se ha confirmado, es que la introducción de polinizadores como las abejas y abejorros en los campos comerciales de algodón durante la floración, resulta en incrementos de la cantidad y la calidad de fibra y semillas (Moffett et al., 1975; McGregor, 1976; Rhodes, 2002; Saeed et al., 2012). Para conseguir el máximo de semillas por fruto, en torno a 50 óvulos deben ser fertilizados, y por tanto al menos 50 granos de polen viable deben contactar con el estigma (McGregor, 1976).

Existe una gran variación de morfologías entre las distintas especies del género *Gossypium*. Encontramos distintas formas y hábitos de crecimiento, cuyo rango varía desde

formas herbáceas rastreras perennes hasta árboles de 15 m de altura, por lo que existe una notable variedad de características reproductivas y vegetativas dentro de este género botánico (**Figura 8**). Un ejemplo de esta extensa variabilidad morfológica lo encontramos dentro la sección *Grandicalyx* (genoma K). Sus 12 especies son todas endémicas del noroeste de Australia, y algunas muestran rasgos característicos únicos entre todas las especies *Gossypium* (Wendel y Grover, 2015), como son la adaptación al fuego gracias al desarrollo de grandes rizomas subterráneos, o la inversión de la posición floral tras la polinización para favorecer la dispersión de las semillas por las hormigas (Fryxell, 1992). Los algodones tetraploides cultivados, son en su mayoría considerados como cultivos anuales, ya que las plantas son destruidas una vez se ha cosechado el fruto (cápsula) para obtener la fibra y la semilla. Sin embargo, en la naturaleza serían arbustos perennes que crecerían hasta unos 1,5 metros de altura. Esta condición de planta leñosa y perenne confiere al algodón una complejidad en su morfología vegetativa y reproductiva superior a la de cualquiera de los principales cultivos anuales sembrados a nivel mundial. Su hábito de crecimiento, prácticamente indeterminado, produce simultáneamente órganos vegetativos y reproductivos ocasionando un patrón de producción y distribución de carbohidratos muy complejo a lo largo de la estructura del cultivo. Desde el eje principal seguirían produciéndose nuevas ramas y hojas de forma indeterminada hasta que algún estrés o cambio climático como la sequía, el frío, el fotoperiodo o la falta de nutrientes, terminen por paralizar el crecimiento. Esta extrema sensibilidad a las condiciones ambientales hace único al algodón (Kerby et al., 1987). Sin embargo, bajo condiciones favorables de humedad y temperatura, el crecimiento y estructura de la planta de algodón es muy predecible siguiendo un patrón bien definido y consistente, que puede ser expresado en días o unidades de calor acumuladas (GD-15,5) (Oosterhuis, 1990; Landivar y Benedict, 1996).

El algodón generalmente no se reproduce vegetativamente (Serdy et al., 1995), y su diseminación dentro del entorno es gracias a la dispersión física de sus semillas. Tanto en la naturaleza como en los campos comerciales, tras la germinación y asentamiento de las plántulas, el crecimiento vegetativo continúa con el desarrollo de un tallo principal muy prominente que resulta de la elongación y desarrollo de la yema terminal o del meristemo apical. Gran parte del desarrollo temprano de la planta de algodón se centra en desarrollar un profundo sistema radicular a partir de su raíz principal o pivotante (**Figura 8**). Por tanto, el crecimiento de las primeras hojas verdaderas es relativamente lento y van desarrollándose en espiral a lo largo de su eje a razón de una hoja por nudo. El tallo principal consiste en una serie de nudos y entrenudos cuyo número y longitud depende de factores genéticos y ambientales como el clima, la humedad del suelo, nutrientes, enfermedades e insectos. La aparición de un nuevo nudo en un algodón relativamente poco estresado se produce tras una acumulación de unidades de calor adicional de entre 15-13°C GD-15,5 (Kerby et al., 1987; Oosterhuis, 1990). Las hojas son habitualmente de unos 10-15 cm de ancho, lobuladas-palmeadas con 3-5 lóbulos en cada hoja (**Figura 8**). La ramificación del tallo principal se produce inicialmente a partir de los brotes axilares de las hojas del tallo principal. Desde estos brotes se producen ramas fructíferas

(simpodiales) o vegetativas (monopodiales). Ambos tipos de ramas poseen hojas verdaderas, pero alrededor de 5-6 semanas tras la siembra el área total de hojas nacidas en ramas fructíferas, superan a las del tallo principal y ramas vegetativas, abarcando aproximadamente el 60% del área foliar en la madurez (Oosterhuis y Jernstedt, 1999). Asociada a la producción y el crecimiento de hojas, el follaje de las plantas comienza a "cerrarse". El cierre temprano del follaje puede ser deseable agronómicamente, ya que ayuda a limitar el crecimiento de las malas hierbas y disminuye la evaporación de la humedad del suelo. Existen distintos tipos de arquitectura vegetal de las plantas, en función de la distribución espacial y tamaños de sus ramas vegetativas (**Figura 8**).

La madurez reproductiva se alcanza aproximadamente 4-5 semanas después de la siembra, con la formación de yemas florales ("carterillas" o "squares" en inglés) (**Figura 8**). Típicamente, transcurren aproximadamente 25 días entre la aparición inicial de las carterillas y la antesis (apertura de flor) (Oosterhuis y Jernstedt, 1999). Si las condiciones de manejo son malas, la planta puede llegar a eliminar hasta el 60% de las carterillas y frutos inmaduros mediante su abscisión prematura debido a la regulación natural que el algodón posee de su floración. Las flores ya maduras no suelen desprenderse antes de la polinización (Oosterhuis y Jernstedt, 1999). La antesis de las flores del algodón se produce en torno al amanecer, y permanecen abiertas sólo un día. Poco después de la antesis, las anteras de las flores de algodón se abren para descargar su polen que permanece viable durante aproximadamente 12 horas (Govila y Rao, 1969). La fertilización de los óvulos se produce entre 12 y 30 horas después de la polinización. Antes y durante la antesis, los pétalos de *G. hirsutum* son de color blanco cremoso mientras que las flores de *G. barbadense* son más amarillentas (**Figura 8**). Rápidamente tras la polinización, en ambas especies las corolas tornan a un color rosa-rojo para posteriormente desprenderse al suelo, dejando a la vista los carpelos que terminarán engrosando para formar las cápsulas que en su madurez se secarán y abrirán para dejar salir la fibra (**Figura 8**).

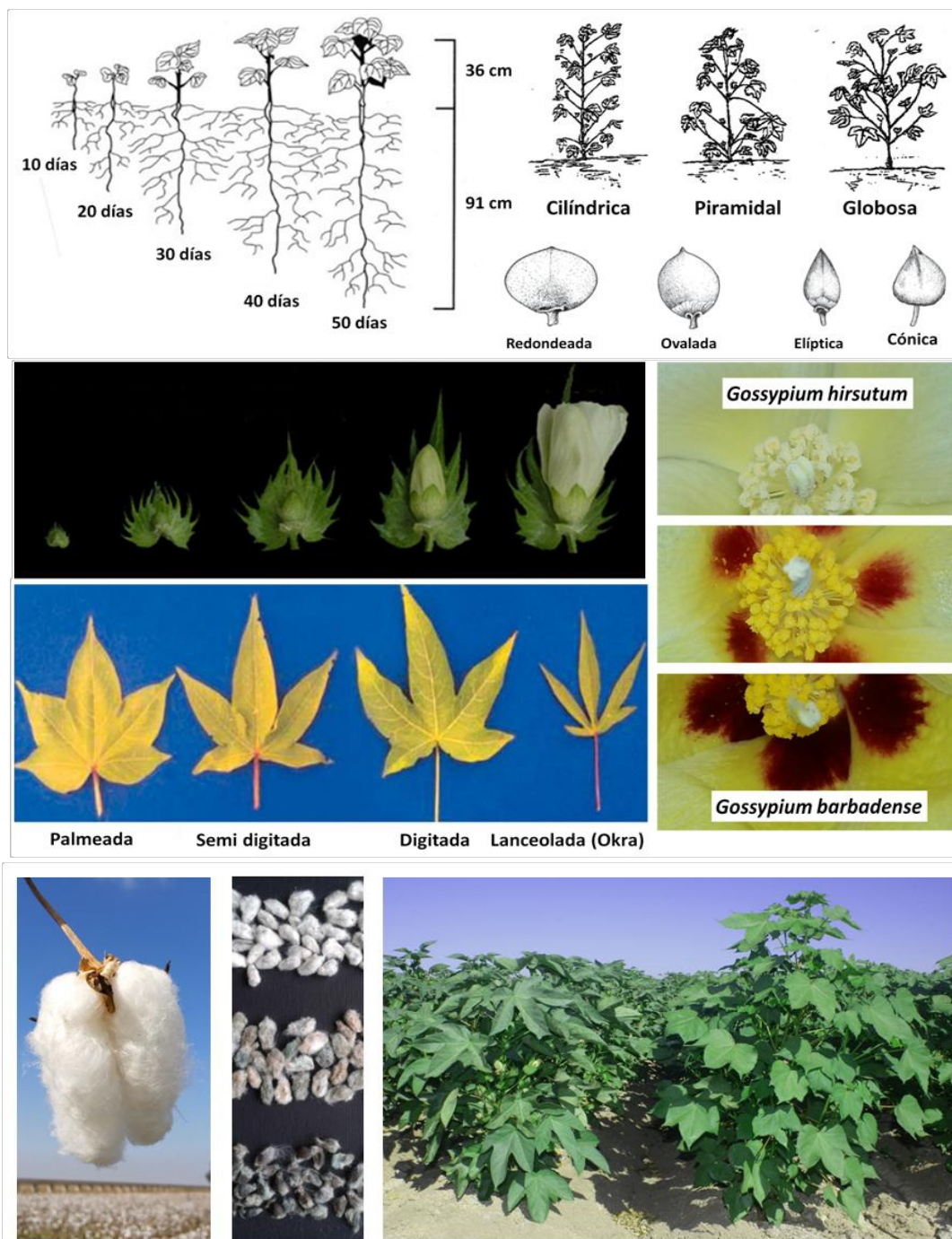


Figura 8. Diversidad y desarrollo morfológico dentro del algodón tetraploide cultivado (*G. hirsutum* -H- y *G. barbadense* -B-). De arriba abajo y de izq. a dcha.: desarrollo radicular; forma de la planta; secciones longitudinales de distintos tipos de cápsulas; evolución del desarrollo floral; manchas en los pétalos entre H y B y el híbrido HB en el medio; Forma de las hojas; cápsula madura de B; semillas desmotadas de H arriba, Híbrido HB y B abajo; planta B izquierda (cv. Lanovia) y H derecha (cv. AI-292). (Fuente: imágenes propias y de “Guidelines for the conduct of tests or Distinctiveness, Uniformity and Stability. Protection of Plant Varieties & Farmer’s Rights Authority, UPOV”).

5.4. Descripción de las fibras hilables o largas

Comúnmente se las llama fibras de algodón, aunque lo correcto sería decir tricomas seminales o pelos de la cubierta de las semillas (Xu et al., 2008). Los tricomas son excrecencias de origen epidérmico y en las plantas juegan diferentes roles de gran importancia biológica, incluidos la protección contra factores bióticos y abióticos, absorción de agua, secreción, mecanismos de atracción, y el más determinante, su papel en la dispersión de semillas (Chen et al., 2007). Mientras que los tricomas de la mayoría de los vegetales son multicelulares, en el algodón (*Gossypium* spp.) son unicelulares, donde una única célula de la superficie ovular se elonga hasta alcanzar en las especies cultivadas longitudes de 30-40 mm y unas $\sim 15 \mu\text{m}$ de grosor. En cada semilla podemos encontrar hasta 10,000 a 20,000 fibras, que en su madurez están casi completamente compuestas de celulosa que ocupa aproximadamente el 90% del peso seco de las fibras. Después le sigue un 7-8% agua, 1% materia mineral, 0,6% materias nitrogenadas y 0,4% cera y aceite (John y Crow, 1992). El desarrollo de la fibra puede dividirse en cuatro fases distintas, pero que ocurren simultáneamente: la iniciación de la fibra, la elongación de la fibra, la deposición de la pared celular secundaria y la maduración/deshidratación (Basra y Malik, 1984). En la iniciación de la fibra desde -3 a 1 dpa (días post antesis), tan sólo el 30% de los primordios de fibra logran el potencial para someterse a la morfogénesis y acabar diferenciándose con éxito en fibras maduras (Kim y Triplett, 2001). Durante la elongación de las fibras (1 a 25 dpa), las células muestran una expansión polarizada muy acentuada, con tasas de crecimiento máximo de 2 mm/día desde los 10 a 12 dpa hasta que la fibra alcanza su longitud final (Li et al., 2005; Shi et al., 2006). Durante el período de biogénesis de la pared celular secundaria (15 a 50 dpa), hay una deposición masiva de celulosa, resultando en una gruesa pared celular secundaria compuesta por celulosa pura. La maduración/deshidratación es la fase final del desarrollo de la fibra (tras 45 dpa), y se asocia con la acumulación de minerales y la disminución simultánea del potencial hídrico, resultando en una fibra de algodón madura (Li et al., 2005). Realmente esta última etapa conduce al colapso de la fibra, que muere al secarse por la apertura de los frutos o cápsulas maduras del algodón, y cada fibra acaba formando una especie de tubo aplastado, retorcido y vacío por dentro (espacio denominado lumen) (**Figura 9**). Estas torsiones hacen que las fibras se adhieran entre sí y mejoren sus cualidades de hilado. El grado de torsión depende del tipo de ambiente en el que se cultiva la planta, la especie o cultivar específico y la madurez de las fibras, y por tanto, las fibras inmaduras tienen paredes delgadas y carecen de torsiones.

La calidad de la fibra viene determinada por sus distintas características físicas, como su longitud, resistencia, uniformidad, porcentaje de fibras cortas, finura o micronaire, elongación o elasticidad, color, etc. La mayoría de estos parámetros, están relacionados con alguna de las etapas del desarrollo de la fibra, aunque el tipo de especie o variedad, el manejo y en especial, las condiciones ambientales como las temperaturas, tienen también una gran relevancia en la calidad de las fibras. Es bien conocida la relevancia que tiene la deposición de celulosa en la

pared celular secundaria con la resistencia de la fibra (Basra y Malik, 1984) y con la finura o el micronaire de la fibra (Ju et al., 2009). Sin embargo, durante el engrosamiento de las paredes secundarias en la etapa de maduración de las fibras de algodón, también pueden sintetizarse compuestos fenólicos como la lignina (Fan et al., 2009). Desde un punto de vista funcional, estos compuestos protegen la celulosa de las paredes vegetales de la degradación química y biológica (Grabber et al., 2004). Esta deposición de fenoles influye en la resistencia mecánica, crecimiento y morfogénesis de la pared celular y se modula en función de los posibles estreses bióticos o abióticos que pudieran ocurrir (Boerjan et al., 2003). En algodón un exceso de lignina en las fibras disminuye la plasticidad en la expansión de las paredes celulares, reduce la elasticidad de la fibra y también disminuye el crecimiento durante la maduración celular lo que se traduce en fibras de menor longitud final (Fan et al., 2006).

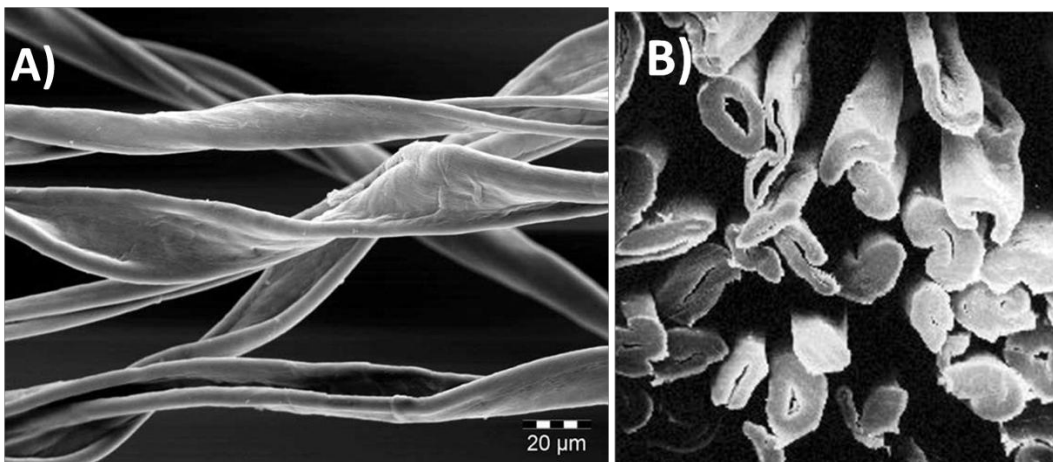


Figura 9. Fibras maduras de algodón observadas al microscopio óptico: A) Fibras con sus torsiones y aplastamiento característico de la madurez; B) Sección de un conjunto de fibras de algodón, donde puede apreciarse el lumen o hueco interior de las fibras, así como el distinto grosor de la pared celular secundaria en distintos estados de maduración.

5.5. Genética del desarrollo de las fibras

Las células epidérmicas que producen las fibras de algodón son unas de las más largas dentro de las plantas superiores (Li et al., 2013a), y esta especial característica ha hecho del algodón un modelo experimental perfecto para el estudio del mecanismo de la elongación de las células vegetales, el desarrollo de la pared celular y la biosíntesis de celulosa (John y Crow, 1992; Kim y Triplett, 2001), además de ser reconocida como una de las plataformas mejor caracterizadas sobre genómica unicelular (Wilkins y Arpat, 2005; Li et al., 2013a). Toda esta información básica generada dentro del género *Gossypium* ha facilitado la mejora genética de muchos caracteres productivos y de calidad de la fibra, ya que la clave del éxito está en

comprender y mejorar las rutas metabólicas que intervienen en las cuatro etapas principales del desarrollo de las fibras (Xu et al., 2008; Li et al., 2013a).

La principal dificultad del control genético del desarrollo de las fibras radica en su complejidad por el gran número de genes que intervienen y por cómo están distribuidos por el genoma del algodón alotetraploide (Wilkins y Arpat, 2005). Al menos 51 genes agrupados en 3 categorías funcionales distintas están implicados en el desarrollo de la fibra y han sido mapeados por su expresión específica o preferencial durante la elongación de las células y la biosíntesis de la pared secundaria (Li et al., 2013a). Según Paterson et al., (2012) la paleoploidía que generó el linaje del algodón podría haber acelerado las mutaciones del clado específico de las Malvaceae relativo a la familia MYB de factores de transcripción. Este incremento de la complejidad genómica contribuyó a la diferenciación de las células epidérmicas hacia la producción de fibras respecto a los mucílagos presentes en otras Malvaceae. Principalmente en el desarrollo inicial de la fibra, Paterson et al., (2012) observaron en los algodones tetraploides cultivados una mayor expresión de 5 de los 10 genes pertenecientes al subgrupo 9 de factores de transcripción MYB, respecto a la expresión mostrada por algodones tetraploides silvestres (no domesticados). Este subgrupo 9, está por tanto considerado como un posible “clado de fibra”, al ser además distinto del subgrupo 15 GL1-like de *Arabidopsis thaliana*, involucrado en la iniciación y desarrollo de pelos en tricomas y raíces (Stracke et al., 2001).

Como han observado distintos autores en la secuencia de cultivares *G. hirsutum* (A_tD_t) (Xu et al., 2008; Paterson et al., 2012), los subgenomas D_t y A_t han tenido distinta evolución dentro de núcleo del algodón tetraploide y la recombinación entre ellos no es igual en algunas zonas. Estas zonas de intercambios no recíprocos entre subgenomas, se deben a la conversión de ciertos genes del genoma D_t hacia A_t (principalmente en la eucromatina) y viceversa (principalmente en la heterocromatina) por el solape incompleto entre ambos subgenomas debido al menor tamaño del subgenoma D (Cronn et al., 2002). Son precisamente algunas de estas zonas de conversión las que intervienen en las innovaciones fenotípicas derivadas de la ploidía, como pueden ser las largas fibras, y han resultado distribuidas en diferentes grupos o “islas de genes” a lo largo del genoma. En Xu et al., (2008) encontraron un total de 10 islas ricas en genes: 3 islas de genes asociadas con la iniciación de la fibra en el Chr (cromosoma) 5, otras 3 islas relacionadas con la elongación inicial-intermedia en el Chr10, 3 islas relacionadas con la elongación intermedia-tardía en el Chr14, y 1 isla de genes en el Chr15 relacionada con la deposición de celulosa de la pared secundaria. El agrupamiento de genes funcionalmente relacionados y con similar regulación de la transcripción dentro del genoma del algodón, sugiere una organización jerárquica. Los posibles cambios de expresión coordinados en estos grupos proximales de genes, incluyendo un bloque de ADN mitocondrial, podrían explicar los clusters de QTLs (Quantitative Trait Loci) encontrados que se relacionan con distintos caracteres de calidad de la fibra (Paterson et al., 2012). Como cada fibra es la extensión de una única célula, es

plausible que los genes relacionados con el desarrollo de la fibra también estuvieran involucrados en la mayoría de los componentes de las células por lo que autores como Li et al., (2013a) consideran que existen genes implicados en el desarrollo de la fibra por todo el genoma del algodón. Algunos autores han encontrado ligeramente más loci y QTLs relacionados con el desarrollo de la fibra en el subgenoma D_t (Jiang et al., 1998; Li et al., 2013a) pese a proceder de un ancestro que no producía fibras, pero en general se ha asumido una implicación similar de cada subgenoma A_t y D_t en el desarrollo de las mismas (Han et al., 2006a; Li et al., 2013a). Por tanto, estas regiones genómicas o islas de genes parecen estar detrás de la innovación fenotípica y/o nuevas propiedades emergentes observadas en los tetraploides *G. hirsutum* y *G. barbadense* respecto a sus progenitores diploides (Paterson et al., 2012), como la mejor adaptación ecológica, mayor productividad o mayor calidad de fibra para un mismo ambiente (Jiang et al., 1998).

Se han realizado multitud de estudios sistemáticos a escala genómica para identificar genes candidatos potenciales y sus anotaciones funcionales (Ji et al., 2003; Arpat et al., 2004; Wilkins y Arpat, 2005; Lee et al., 2006; Wu et al., 2006; Yang et al., 2006). Perfiles de expresión obtenidos durante la elongación de la fibra indican que el desarrollo de la misma podría abarcar hasta el 50% del transcriptoma de algodón en esta fase (Arpat et al., 2004; Wilkins y Arpat, 2005). La complejidad genética del transcriptoma obtenido en este caso se ha estimado en 36.000 genes de fibra homólogos entre los subgenomas A_t y D_t de las especies tetraploides. El estudio de este transcriptoma también ha revelado cambios dinámicos en la expresión génica entre la biogénesis de la pared celular primaria y secundaria, lo que sugiere además que los genes relacionados con la fibra son muy específicos de cada etapa (Xu et al., 2008). Gracias a los avances en las técnicas de secuenciación de última generación (NGS, Next Generation Sequencing) y en la genómica funcional, muchos marcadores moleculares han sido relacionados con genes o regiones codificantes implicadas en el desarrollo de la fibra, y han sido utilizados para la mejora genética de la longitud o la resistencia de la fibra (Varshney, 2010; Li et al., 2013a). Algunos ejemplos de genes relacionados con la fibra que han sido mapeados son: *FbL2A*, un gen importante en el desarrollo de fibras, ubicado en el Chr14 (Han et al., 2006b); *GhSAMS* y *GhNLP*, dos genes relacionados con la elongación de las fibras mapeados en el Chr14 (D2) y Chr19 (D5), respectivamente (Zhang et al., 2008).

6. El valor de la Diversidad

La clave de este éxito de una buena variedad depende en primer lugar de las fuentes de variabilidad disponible para su mejora. Esta variabilidad puede ser obtenida a partir de recursos naturales mediante procesos de hibridación y selección, o bien, creada mediante transgénesis o mutagénesis cuando el carácter objeto de mejora no está disponible en el acervo genético de cruzabilidad sexual de dicha especie. Debido a la importancia histórica del algodón, los esfuerzos mundiales por conservar cualquier germoplasma *Gossypium* han sido constantes ya que, como la mayoría de las especies cultivadas, el algodón cultivado Upland (*G. hirsutum*) posee una base genética muy reducida y especialmente el rendimiento potencial se ha ido estancando desde 1985, como así se observó en EE. UU. (Paterson et al., 2004). Esta situación reveló al mundo la necesidad inmediata de realizar procesos de mejora varietal para los que la conservación, el estudio y el empleo de la diversidad genética existente han resultado totalmente imprescindibles.

6.1. Recursos genéticos para la mejora vegetal

Los recursos fitogenéticos y las distintas colecciones de germoplasma mundiales representan una parte vital de los recursos naturales del mundo y son necesarios para proteger a la humanidad de las enfermedades y vulnerabilidades de los cultivos emergentes tanto en las generaciones presentes como futuras (Campbell et al., 2010). Por lo tanto, en cualquier programa de mejora es crucial manejar, conservar y evaluar el material vegetal disponible tanto de nuevas variedades mejoradas como otras especies o materiales silvestres relacionados, manteniendo al mismo tiempo un flujo continuo de nuevo germoplasma que pueda resultar de utilidad en un futuro (Rao y Hodgkin, 2002; Kaur et al., 2014) .

Gran parte de los esfuerzos por conservar el germoplasma *Gossypium* comenzaron en EE. UU. a principios del siglo XX debido a la plaga del gorgojo del algodón (*Anthonomus grandis*) que afectó duramente la producción de algodón Upland entre 1892 y 1904 (Niles y Feaster, 1984). Y es que, durante el siglo XVIII la mayoría de los cultivares locales de algodón de semillas verdes y negras, habían sido poco a poco sustituidos por genotipos de día neutro de las tierras altas mexicanas (Mexican highland stocks). Estos genotipos mexicanos a pesar de tener caracteres agronómicos muy favorables poseían ciclos largos de cultivo y favorecían los ataques de esta plaga de coleópteros procedente de América Central. Por tanto, los esfuerzos de mejora durante esa época se centraron en el desarrollo de cultivares con una madurez temprana para evitar los daños del gorgojo, lo que derivó hacia la popularización del pool de germoplasma de fibra más corta y mayor precocidad frente a los existentes cultivares de mayor fibra y madurez tardía (Smith y Cothren, 1999). De hecho, siguen siendo la base de los cultivares Upland sembrados hoy en día (Smith y Cothren, 1999).

Probablemente a lo largo de los últimos 5.000 años de domesticación, la selección de variedades insensibles al fotoperiodo pudo haber causado el primer cuello de botella genético en el algodón cultivado, pero el resto de actividades de selección han sido acompañadas también por pérdidas en la diversidad genética (Campbell et al., 2010). Además, en la actualidad, los programas mundiales de mejora del algodón Upland están principalmente basados en el uso continuado de unas pocas líneas de genotipos elite con alto rendimiento y cualidades superiores de fibra, y en la reelección dentro de cultivares existentes (Meredith, 1998; Van Esbroeck y Bowman, 1998; Boopathi et al., 2011). El hecho de que la mayoría de los cultivares actuales procedan de ancestros comunes estrechamente relacionados es la principal causa de la gran erosión genética existente dentro de la base del germoplasma de algodón. Como consecuencia de ello, encontramos muy baja diversidad genética disponible dentro del acervo o pool genético primario que ha ocasionado el estancamiento de los rendimientos, una disminución de la calidad de las fibras y una mayor vulnerabilidad genética frente a distintos estreses bióticos y abióticos por la uniformidad genética generalizada entre los cultivares elite (Van Esbroeck y Bowman, 1998; Gutierrez et al., 2002; Gingle et al., 2006; Wallace et al., 2009; Lacape et al., 2007).

Como se resume en Lacape et al., (2007), tanto estudios con isoenzimas como de marcadores moleculares tipo RAPDs, AFLP, RFLPs, y microsatélites (SSR) han demostrado la baja diversidad genética existente entre los algodones tetraploides principalmente cultivados (*G. hirsutum* L.) así como de algunas de sus especies relacionadas. El alto grado de uniformidad genética está derivando en una gran vulnerabilidad genética de las variedades comerciales, que ha puesto en alerta a toda la comunidad algodonera frente a amenazas globales como Fusarium wilt Raza 4 (*F. oxysporum* sp. *vasinfectum*) y el virus del rizado de la hoja que afectaría a todos los cultivares actuales de algodón en EE. UU. (Van Becelaere et al., 2005; Wallace et al., 2009). Históricamente, esta misma situación de uniformidad genética en combinación con el brote de distintas enfermedades, ha ocasionado importantes amenazas para las producciones de distintos cultivos. Algunos ejemplos son: la hambruna de 1840 en Irlanda por la devastación de todo el cultivo de patatas al ser susceptibles a *Phytophthora infestans* (Rao y Hodgkin, 2002); la práctica destrucción mundial del cultivo de la banana en 1950 por la susceptibilidad generalizada hacia *Fusarium oxysporum* sp. *cubense* (Ploetz y Pegg, 1997); pérdida del 25% de la producción de maíz de EE. UU. en 1970, por la epidemia del hongo Tizón del sur al ser muy susceptibles todos los híbridos de maíz con citoplasma T (Texas) (Tatum, 1971); la enfermedad de Pierce de la uva, causada por el patógeno *Xylella fastidiosa*, representa una amenaza emergente ya que casi todos los genotipos híbridos europeos, americanos y franco-americanos son extremadamente susceptibles (Hopkins y Purcell, 2002). Afortunadamente, las colecciones de germoplasma suministraron a los científicos los recursos genéticos necesarios para identificar y transferir resistencias a cultivares e híbridos mejorados frente estas epidemias catastróficas (Campbell et al., 2010).

Con la idea de proteger el valor económico mundial del algodón y sus subproductos derivados, muchos países productores se han visto en la necesidad imperiosa de coleccionar y conservar germoplasma para proteger la estabilidad genética de sus industrias (Campbell et al., 2010). Fueron creadas distintas colecciones *ex situ* de germoplasma de algodón y las principales se encuentran en Estados Unidos (USDA), Francia (CIRAD), China, India (CICR), Rusia, Uzbekistán, Brasil y Australia (Abdurakhmonov et al., 2012). Aunque existen otras colecciones de germoplasma menores, estos ocho países representan la mayoría de los recursos mundiales de germoplasma de algodón y cada Estado tiene sus propios programas de almacenamiento y conservación de germoplasma (Campbell et al., 2010). Desde las primeras colectas de material vegetal realizadas en los distintos centros de origen de las especies *Gossypium* descritas por Ulloa et al., (2006), las colecciones de germoplasma de algodón en todo el mundo se han ido enriqueciendo con numerosas accesiones de materiales y líneas de mejora fruto de los esfuerzos de investigación y selección continuados e intercambios de germoplasma durante los últimos 100 años (Abdurakhmonov, 2007; Wallace et al., 2009; Campbell et al., 2010; Abdurakhmonov et al., 2012). Todo este germoplasma bien caracterizado, ha permitido el empleo de introgresiones interespecíficas desde materiales donantes hacia el algodón Upland, y se ha conseguido transferir genes específicos y caracteres útiles, incluyendo fibras más fuertes, más largas y más finas (Bi et al., 1999). Ejemplo de ello son las sustituciones cromosómicas desde otros alotetraploides como *G. barbadense* o *G. tomentosum* para generar diversidad dentro del algodón Upland (*G. hirsutum*) (McCarty and Percy, 2001; Saha et al., 2012). El reservorio de diversidad genética potencialmente subutilizadas en germoplasma exótico de algodón silvestre están considerados como “recursos de oro” en la mejora del algodón Upland (Abdurakhmonov, 2007). También puede aumentarse la variabilidad utilizando genotipos diploides (Mergeai, 2006), ya que actualmente son considerados importantes reservorios de alelos de interés potencial. Concretamente la especie *G. longicalyx* ha mostrado un importante potencial genético para mejorar mediante retrocruzamientos la finura o micronaire de la fibra del algodón Upland (Nacoulima et al., 2016). Por último, podrían usarse parientes cercanos al algodón como el kenaf (*Hibiscus cannabinus*) que producen una fitoalexina (HBQ) en respuesta al ataque de los patógenos *Verticillium dahliae* y *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum* que resulta mucho más tóxica y más efectiva que las fitoalexinas del algodón (Puckhabe et al., 1998).

6.2. Uso de marcadores para caracterizar y mejorar

La variabilidad emerge de la relación genética y la diversidad entre y dentro de los distintos grupos de plantas (Yu et al., 2012a, Abdellatif y Soliman, 2013) y su estudio dentro de cultivares comerciales de algodón y líneas avanzadas de germoplasma, ha sido abordado a través desde distintas técnicas y métodos, hasta las actuales técnicas basadas en ADN. Es el caso de los marcadores moleculares de ADN que representan una poderosa herramienta al ser

independientes de los efectos ambientales que tanto afectan a los programas de mejora clásica (mejora fenotípica). Los marcadores moleculares son muy útiles para caracterizar grandes colecciones de germoplasma, acelerar los procesos de selección e introgresión de caracteres de interés, permitir la identificación varietal, la certificación de semillas, la implementación de derechos de obtentor, etc. (Yu et al., 2012a). Existen distintos estudios de diversidad de colecciones de algodón usando marcadores RAPDs (Random Amplified Polymorphic DNA) (Mahmood et al., 2009; Tidke et al., 2014), aunque concretamente los marcadores microsatélites (SSRs, Simple Sequence Repeats), han sido los más empleados en el campo de la mejora vegetal (principalmente en los análisis de diversidad). Aunque ambos marcadores se basan en la PCR (Polimerase Chain Reaction), los SSRs poseen un alto nivel de polimorfismo (naturaleza multialélica), alta reproducibilidad, herencia codominante, abundancia relativa y dispersión uniforme en los genomas vegetales (Powel et al., 1996; Kantartzi, 2013). Por tanto, en los últimos años los marcadores SSRs han sido utilizados ampliamente para caracterizar muchas colecciones de algodón. Ejemplo de ello, son estudios de diversidad en variedades cultivadas en Brasil, Argentina o Paraguay (Bertini et al., 2006; Araújo et al., 2014; Moiana et al., 2015), Turquía (Bardak y Bolek, 2012; Elçi et al., 2014), Australia (Rungis et al., 2005), India (Sapkal et al., 2011), Pakistán (Ullah et al., 2012; Dahab et al., 2013; Ashraf et al., 2016), Egipto (Abdellatif et al., 2012; Abdellatif y Soliman, 2013), EE. UU. (Kantartzi et al., 2009; Hinze et al., 2014; Tyagi et al., 2014), India (Dongre et al., 2007; Patel et al., 2009; Rajeev et al., 2014), China (Wang et al., 2004; Zhang et al., 2011; Liu et al., 2015; Zhao et al., 2015), Uzbekistán (Abdurakhmonov et al., 2008), Irán (Noormohammadi et al., 2013; Poortavakoli et al., 2017). Además existen amplias bases de datos públicas (www.cottongen.org) donde poder encontrar hasta 65.412 secuencias disponibles de marcadores SSR procedentes de distintos grupos de investigación y obtenidos a partir de distintas especies de algodón y/o fragmentos de ADN (genómicos, ESTs, BACs, etc.). Los grandes proyectos de diversidad que utilizan marcadores SSR, están recurriendo al Association Mapping o análisis de asociación para caracterizar grandes colecciones de germoplasma relacionando los polimorfismos con el rendimiento, calidad de fibra o resistencia a *Verticillium* (Mei et al., 2013; Cai et al., 2014; Jia et al., 2014; Zhao et al., 2014; Nie et al., 2016; Ademe et al., 2017).

Debido al gran interés que el algodón supone para tantos países, son muchos los esfuerzos y los avances conseguidos en el campo de la mejora genética. De hecho, las colecciones mejor caracterizadas y los proyectos internacionales sobre el algodón, están completando la información de diversidad ofrecida por los marcadores SSRs con otros marcadores desarrollados de manera más reciente, denominados SNPs (Single Nucleotide Polymorphism). Estos marcadores que detectan polimorfismos o variaciones en el ADN de un solo nucleótido comienzan a ser ampliamente utilizados debido a su mayor abundancia y a la capacidad de ser multiplexados para realizar genotipados de alto rendimiento (Van Deynze et al., 2009; Kaur et al., 2014). Ahora que el análisis de SNP tiene un coste aceptable, se han vuelto esenciales para cubrir completamente el gigantesco (~5.000 cM) y complejo genoma de

algodón tetraploide (Paterson et al., 2012). Los estudios para secuenciar todas las secuencias polimórficas del genoma completo del algodón, así como estudios para descubrir genes son ahora posibles. Técnicas como el Genotyping by Sequencing, están suponiendo una estrategia prometedora, robusta y simple que facilita la detección de una amplia gama de SNPs utilizando muchos individuos simultáneamente (Peterson et al., 2014) y en algodón ha sido utilizada con mucho éxito (Gore et al., 2014; Islam et al., 2014; Logan-Young et al., 2015). También se han utilizado en algodón plataformas de genotipado de alto rendimiento como los chips de SNPs CottonSNP63K array (Illumina, USA), que permiten genotipar multitud de variedades con 63.000 SNPs (Hinze et al., 2017).

6.3. Falta de estudios europeos específicos

Precisamente en Europa donde el cultivo de Organismos Modificados Genéticamente (OMG) está muy limitado, el uso de la diversidad disponible para conseguir nuevos caracteres de mejora se presenta como la alternativa potencialmente más útil. Sin embargo, la disponibilidad de información acerca de la diversidad molecular de las variedades comerciales europeas es especialmente reducida y totalmente inexistente en el caso de las variedades principalmente cultivadas en Andalucía.

En Europa, sólo se ha encontrado un estudio sobre la diversidad genética de materiales comerciales. Este fue realizado por Kalivas et al., (2011) en Grecia, donde analizaron 29 variedades comerciales *G. hirsutum* y 1 híbrido interespecífico H × B, utilizando 12 marcadores SSR y caracteres agronómicos como el rendimiento o el porcentaje de fibra, o de calidad de la fibra (resistencia, longitud, finura). Otros estudios que utilicen marcadores SSRs con fines de mejora genética, han sido realizados en variedades búlgaras de algodón, pero los resultados no han sido publicados. Existe la referencia de un estudio realizado por Ivanova y Bojinov (2009) sobre la identificación de caracteres cuantitativos o Quantitative Trait Loci (QTL) de calidad de la fibra en una colección de variedades búlgaras, pero sin acceso a su información. Por otro lado, existe otro estudio sobre la evaluación de una población mutante M5 procedente de la irradiación con rayos Gamma de la variedad Chirpan 603, que fue en 2005 la más cultivada en Bulgaria con el 80% de la superficie (Ivanova y Bojinov, 2012). Este último estudio, publicado en inglés en la 11ª Red Interregional de Investigación Cooperativa sobre Algodón para las Regiones del Mediterráneo y Medio Oriente, sólo puede obtenerse a través del propio Prof. Dr. Bojin Bojinov (Departamento de Genética y Mejora Vegetal, Universidad de Plovdiv, Bulgaria). El centro de investigación CIRAD (Montpellier, Francia), también ha participado en proyectos de cooperación para la mejora genética del algodón en países tropicales, pero de nuevo, las variedades utilizadas no son adecuadas para las condiciones climáticas de Andalucía, así como

las variedades búlgaras comerciales a penas son cultivadas en Andalucía por su alta susceptibilidad a la Verticilosis (Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U., comunicación personal).

Por tanto, estudios que definan mejor la diversidad de las variedades sembradas en Andalucía (o con potencial para hacerlo) no se han reportado. Tan solo se han encontrado algunos estudios procedentes de otros países donde si se han utilizado materiales comerciales europeos que son o han sido cultivados en Andalucía. Este es el caso del estudio realizado por Surgun et al., (2012), donde se analiza por primera vez las relaciones filogenéticas entre 9 variedades *G. hirsutum* cultivadas en Turquía utilizando 42 marcadores RAPDs. De las 9 variedades, 2 están inscritas en el catálogo europeo una de ellas, cv. Carmen, dejó de usarse en España por poseer un ciclo muy largo y la otra, cv. Flora, sí sigue empleándose, pero en pequeñas superficies (Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U., comunicación personal). Otro estudio más reciente realizado por Elçi et al., (2014) analizó la diversidad genética en 96 variedades de algodón (94 *G. hirsutum*, 1 *G. herbaceum*, y 1 *G. barbadense*) comercializadas en Turquía (menos la *G. barbadense*) entre 1964 y 2014, utilizando 26 marcadores SSR y 4 caracteres de calidad de fibra (longitud, resistencia, finura y uniformidad). Entre estas variedades estudiadas se encuentran algunas variedades del catálogo europeo como Carisma, Julia, DP-332, Lider, Elsa, Fantom, Campo o Celia, pero todas son de ciclo largo o muy largo y no son representativas de la diversidad susceptible de ser sembrada en Andalucía.

En España tan sólo se ha realizado una tesis doctoral en Andalucía sobre el algodón. Esta tesis del año 2001 versó sobre el estudio genético de la resistencia a la sequía en algodón (*Gossypium hirsutum* L.), a partir de 8 parentales elegidos por sus características fenotípicas bajo condiciones de estrés hídrico y analizando los 28 híbridos F1 derivados de sus cruzamientos en diseños dialélicos 8 x 8. Con estos experimentos pudieron concluirse que algunas variedades poseían buenas Aptitudes Combinatorias Generales (ACG) para producir híbridos tolerantes a la sequía. Los últimos datos públicos disponibles sobre variedades de algodón comercializadas en Andalucía, proceden de la Red Andaluza de Experimentación Agraria (RAEA) del año 2006. Mediante este organismo, muchos agricultores disponían de información sobre caracteres agronómicos y de calidad de fibra, procedentes de una red de ensayos multilocales de variedades de algodón que se inician en la década de los 80. Esta evaluación sistemática que la RAEA realizaba de las nuevas variedades que aparecían en este cultivo, permitía a los agricultores elegir la mejor variedad para su zona de cultivo. Desde 2006, no se produce ningún estudio o análisis sobre el cultivo o mejora del algodón en Andalucía pese a su importancia económica y social.

Existe por tanto hay una escasez de investigación relacionada con el algodón europeo, principalmente sobre diversidad genética empleando marcadores moleculares. El gran número de cultivares mejorados de los catálogos europeos de algodón, en combinación con la estrecha base genética encontrada en las colecciones mundiales de algodón, y la importancia económica

que supone la producción de semillas para las casas comerciales han aumentado la necesidad de disponer de métodos fiables y eficaces para la identificación y certificación de estos cultivares, así como la caracterización del germoplasma disponible para futuros cruzamientos potenciales. Así que el primer esfuerzo sería la construcción y análisis molecular de una buena colección de germoplasma con la mayor diversidad posible y una gran utilidad potencial, incluyendo en primer lugar las variedades Upland y Pima comerciales con mayor éxito en Andalucía, seguidas de otros potenciales cultivares experimentales o comerciales fuera de la UE, silvestres o incluso otras especies diploides *Gossypium*, que puedan aportar genes de interés. Con este pool o acervo genético bien caracterizado a nivel fenotípico y molecular, podrían iniciarse nuevas vías de estudio como el análisis de la cruzabilidad para la obtención de híbridos y variedades adaptadas, así como mapas de ligamiento genético, expresión de caracteres cuantitativos (QTLs), técnicas de secuenciación avanzadas, mejora asistida por marcadores (MAS), etc.

La empresa Algodonera del Sur S.A. (ALGOSUR), posee grandes conocimientos sobre el pedigree y el comportamiento agronómico de las variedades de algodón sembradas en los últimos 30-40 años en España y Europa, ya que en sus filas empresariales se encuentran profesionales del mundo de la mejora clásica de algodón y técnicos agrícolas especializados en su cultivo. Así mismo, el grupo de investigación sobre el algodón, arroz y maíz (AGR-131) del centro IFAPA “Las Torres-Tomejil” (Alcalá del Río, Sevilla), también posee un largo historial en experiencia investigadora sobre mejora genética y agronomía del algodón. Con el conocimiento, asesoramiento y coordinación de ambas entidades, se iniciaron los primeros ensayos varietales de algodón en el verano 2013 cerca de Los Palacios y Villafranca (Sevilla), en los que fueron testadas hasta 150 variedades, procedentes principalmente de catálogos comerciales europeos y no europeos, de programas de mejora experimentales de otras empresas y del banco de germoplasma nacional de EE. UU. (USDA-ARS). Estos primeros ensayos comparativos continuaron en 2014 con la introducción de nuevas variedades experimentales, y así se inició la selección de variedades fenotípicamente distintas y con el mayor interés posible para su cultivo en Andalucía. Aquellas variedades con pocas semillas, como las solicitadas al USDA-ARS (100 semillas) o de alguna colecta propia, fueron autofecundadas durante los veranos de 2013 y 2014 mediante el embolsado de sus flores en pre antesis con sobres finos de papel encerado. De estos materiales vegetales, serán obtenidas las 48 variedades finalistas para el estudio de diversidad fenotípica y molecular y también los parentales para la obtención de híbridos interespecíficos.



Objetivos doctorales

Objetivos Doctorales

Por todo lo expuesto anteriormente y teniendo en cuenta que especialmente en España y Europa, existe una falta de información pública importante para la mejora del cultivo del algodón, los objetivos de este trabajo han sido:

1) Caracterizar por primera vez la diversidad molecular y relaciones de filogenia en una colección de 48 variedades de algodón (sobre todo Upland y Pima) empleando una batería de 67 marcadores microsatélites SSR.

2) Caracterización fenotípica y análisis HVI de la calidad de fibra de esa misma colección de 48 variedades.

3) Iniciar un programa de cruzamientos para la obtención de híbridos interespecíficos *G. hirsutum* × *G. barbadense* y obtener información genética sobre la aptitud combinatoria general y específica de los parentales implicados, para diversos caracteres de interés agronómico, productivo y de calidad de la fibra, bajo las condiciones climáticas y de cultivo andaluzas.



Materiales y Métodos

1. Elección de la colección vegetal de estudio

Para formar esta colección vegetal, fueron elegidas 48 variedades (36 *G. hirsutum*, 10 *G. barbadense*, 1 *G. arboreum* y 1 desconocida). Esta colección vegetal contenía el menor número de genotipos que mayor diversidad fenotípica o de pedigree representaban, ya que fueron seleccionadas también atendiendo a sus distintos morfotipos, u orígenes de mejora, y a su procedencia de distintas casas de semillas comerciales (**Tabla 1**). Entre ellas, encontramos 39 variedades comerciales o experimentales tanto europeas como extranjeras que fueron seleccionadas por sus buenas aptitudes agronómicas y/o productivas en Andalucía o por poseer rasgos fenotípicos interesantes. Los 9 genotipos restantes proceden del USDA-ARS y son fuentes de variabilidad genética bien documentadas (**Tabla 1**). De ellos, 1 es comercial, 4 son materiales de mejora o silvestres, y 4 son genotipos usados previamente como estándares genéticos de las bases de datos oficiales de marcadores moleculares en algodón (Cotton Marker Database, CMD), así como en otros estudios genómicos (Yu, 2004; Blenda et al., 2006; Lacape et al., 2007; Yu et al., 2012a). Todo este material vegetal, representaría el mínimo acervo genético, más completo y con mayor utilidad potencial para ser usado en futuros procesos de mejora genética del algodón andaluz.

Tabla 1. Datos de pasaporte de las 48 variedades de algodón seleccionadas.

Especie	Genoma	Variedad	Estatus ^a	Origen ^b	Propiet. ^c	Año ^d
<i>G. barbadense</i>	(AD) ₂	ALEPO	C	Cáucaso	Hazera	2016
<i>G. barbadense</i>	(AD) ₂	ARMADA	C	Cáucaso	Spirou	2013
<i>G. barbadense</i>	(AD) ₂	CIMA	E	Cáucaso	Hazera	2006
<i>G. barbadense</i>	(AD) ₂	E1	C	EE. UU., CA	Israel S	2014
<i>G. barbadense</i>	(AD) ₂	GW-4265	E	Cáucaso	Spirou	2010
<i>G. barbadense</i>	(AD) ₂	GW-4269	E	EE. UU.	Spirou	2014
<i>G. barbadense</i>	(AD) ₂	LAGIRALDA	C	Cáucaso	Spirou	2016
<i>G. barbadense</i>	(AD) ₂	LANOVIA	C	Cáucaso	Spirou	2016
<i>G. barbadense</i>	(AD) ₂	SAN DIEGO	Cc	EE. UU., CA	-	2010
<i>G. barbadense</i>	(AD) ₂	PIMA S-6 (CMD8)	Cu	EE. UU., AZ	USDA	1983
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	AI-270	E	Israel	Hazera	1999
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	AI-290	E	Israel	Hazera	1999
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	ALEXANDROS	C	Grecia	Mons	2002
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	AMAZONA	C	Grecia	Spirou	2012
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	AVANGARD 264	C	Bulgaria	Chirpan	2001
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	BABYLON	C	Grecia	Spirou	2002
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	CAMPO	C	Grecia	Spirou	2001
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	CARISMA	C	EE. UU.	Pioneer	2013

Tabla 1. Continuación.

Especie	Genoma	Variedad	Estatus ^a	Origen ^b	Propiet. ^c	Año ^d
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	CELIA	C	Australia	CSIRO	2001
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	COKER 312	C	EE. UU., TX	USDA	1974
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	DARMI	C	Bulgaria	Chirpan	2010
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	DP ACALA 90	C	EE. UU.	Mons	1992
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	DP-332	C	EE. UU., MS	Mons	2010
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	DP-377	C	EE. UU., MS	Mons	2010
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	ELPIDA	C	Grecia	Spirou	2015
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	ELSA	C	Australia	CSIRO	2009
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	FANTOM	C	Grecia	Spirou	1999
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	JULIA	C	Australia	CSIRO	2005
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	JUNCAL	C	EE. UU.	Mons	2004
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	KOLORIT	C	Bulgaria	Chirpan	2010
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	LAMBADA	C	Grecia	Spirou	2007
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	LIDER	C	Grecia	Spirou	2001
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	MASSALA	Cc	Israel	-	2014
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	MISTRAL	C	Grecia	Spirou	2012
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	NATALIYA	C	Bulgaria	Chirpan	2008
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	RUMI	C	Bulgaria	Chirpan	2011
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	SP-57	E	Grecia	Spirou	2013
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	SS-UPL-01	E	España	SSI	2002
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	ST-467	E	EE. UU., MS	Stonev	2001
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	VIKY	C	España	Eusem	2005
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	180F	LM	Uzbequistán	USDA	1940
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	ACALA 3080	LM	EE. UU., TX	USDA	1989
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	TEX-1425	S	Bulgaria	USDA	1989
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	WC-19NSSL	LM	EE. UU., AZ	USDA	1991
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	TM-1 (CMD1)	LM	EE. UU., TX	USDA	1956
<i>G. hirsutum</i>	(AD) ₁	ACALA MAXXA	Cu	EE. UU., CA	USDA	1990
<i>G. arboreum</i>	A ₂	A2-0008 (CMD9)	LM	EE. UU., TX	USDA	1989
Desconocida	-	KIBALA	S	Angola	-	2014

^a Estatus de mejora: C—Comercial; E—Experimental; Cc—Colecta Comercial de individuos fuera de tipo de interés; LM—Línea de Mejora; S—Material Silvestre; Cu—Cultivar.

^b Origen de Mejora (variedades con fenología adaptada o domesticada para esa región).

^c Propietario o Donante: Hazera—Hazera Seeds Ltd., Shikmim, Israel; Spirou—House of Agriculture Spirou AEBE, Atenas, Grecia; Israel S—Isarel Seeds Ltd., Shefaim, Israel; CSIRO—Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation, Canberra, Australia; Mons—Monsanto Company, St. Louis, MO, EE. UU.; SSI—Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U., Sevilla, España; Chirpan—Institute of Agriculture Crops, Chirpan, Bulgaria; Stonev—Stoneville Ped. Seed. Co., Stoneville, MS, EE. UU.; Eusem—Eurosemillas, Córdoba, España; USDA—Agricultural Research Service of United States Department of Agriculture (USDA-ARS); Pioneer—Pioneer Hi-Bred Hellas, Atenas, Grecia.

^d Según el estatus de mejora: Año de admisión en el Catálogo de variedades vegetales europeo (C)/ Año del ensayo de experimentación (E)/ Año de la colecta propia o de la donación (Cc, Cu, LM, S).

2. Caracterización molecular de la colección nuclear

2.1. Extracción de ADN

Para la extracción de ADN, esta colección nuclear de 48 variedades fue germinada en bandejas de alveolos con sustrato dentro de una cámara climática a $26\pm 2^{\circ}\text{C}$ y un fotoperiodo de 16/8h luz/oscuridad. Se utilizó un pool de 5 plantas por variedad para obtener 100 mg de hojas jóvenes frescas tomadas equitativamente. Esta mezcla de ADN minimiza la influencia genómica de posibles plantas fuera de tipo en las muestras de cultivo comerciales y representa mejor la posible variabilidad que pueda existir dentro de la variedad. Todo el ADN genómico se extrajo utilizando el método CTAB (Bromuro de cetiltrimetilamonio) empleado en Paterson et al., (1993), pero con algunas modificaciones. El protocolo de extracción comenzó con la adición en cada eppendorf de 750 μL de tampón de extracción CTAB (1,4 M NaCl, 0,1 M Tris-HCl, 20 mM EDTA- Na_2 , 2% (w/v) CTAB, 2% (w/v) PVP40 (polivinilpirrolidona 40, pH 8,0) y 3,75 μL de ditiotretitol (DTT) al 0,5 % (w/v). A continuación, las muestras fueron molidas y homogeneizadas mediante TissueLyser (Qiagen, Germany) e incubadas a 65°C durante 30 minutos, realizando 6-8 inversiones repetidas manualmente tras los primeros 15 minutos para mezclar bien los componentes. Posteriormente, se añadieron 750 μL de cloroformo a -20°C a cada muestra y fueron agitadas suavemente de forma manual por inversión para ser después centrifugada a 13.000 rpm durante 8 minutos y a 4°C . Los sobrenadantes fueron transferidos a un nuevo eppendorf de 1,5 mL al que se le añadieron 450 μL de isopropanol al punto de hielo. Se mezcló suavemente por inversión hasta ver el ADN para ser después incubado durante 10 minutos a temperatura ambiente. A continuación de centrifuga a 8.100 rpm durante 5 min para retirar con mucho cuidado el isopropanol dejando el pellet de ADN en el fondo del tubo. Los pellets de ADN fueron lavados dos veces con etanol al 70% helado y centrifugados a 13.100 rpm y 5 minutos cada vez. Tras retirar el etanol con pipeta, se deja secar el pellet durante unos 10 minutos hasta que los restos de etanol se sequen completamente. Finalmente, el ADN fue resuspendido en 50 μL de tampón TE a 65°C (0,01 M Tris-HCl, 0,004 M EDTA- Na_2 , pH 8,0).

Tras este protocolo de extracción de ADN bastante estándar, fueron realizadas algunas mejoras para obtener mayor calidad del ADN final. Estas modificaciones respecto al protocolo tradicional implicaban la adición de 1 μL de ARNasa, una vez que el ADN ha sido extraído y diluido en tampón TE, e incubado durante menos de 30 minutos a 37°C . Con estas mejoras del protocolo original evitamos la degradación del ADN causada por el alto contenido de compuestos polifenólicos en los tejidos de algodón. A continuación, las muestras fueron enfriadas y se comprobó la calidad del ADN mediante electroforesis en gel de agarosa al 0,8% (w/v) y también la cantidad de ADN, proteínas y sales en la muestra, utilizando un espectrofotómetro NanoDrop™ 1000 (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, EE. UU.). Finalmente, las muestras de ADN fueron diluidas a 25 ng/mL y almacenadas a -20°C hasta su uso.

2.2. Genotipado de los marcadores SSR

Un total de 67 pares de cebadores fueron seleccionados para representar 6 fuentes de marcadores SSR diferentes (BNL, CIR, JESPR, MGHEs, NAU y TMB) desarrolladas por diferentes grupos de investigación de la comunidad algodónera mundial (Blenda et al., 2006). Los marcadores fueron elegidos por estar bien distribuidos a lo largo de los 26 cromosomas del algodón alotetraploide, basándonos en estudios anteriores sobre mapas de ligamiento genético en algodón (principalmente Guo et al., 2008a; Yu et al., 2012b). Cada cromosoma estuvo representado por al menos 1-2 SSR loci (en diferentes brazos cromosómicos), y aquellos cromosomas más largos fueron saturados con 4-5 SSR (Yu et al., 2012b). También se tuvieron en cuenta otros criterios para equilibrar la distribución de marcadores, como la elección de marcadores que amplificaran en ambos subgenomas A y D. Además, cabe destacar que la mayoría de los marcadores seleccionados ya habían mostrado un alto índice polimórfico en estudios previos de diversidad (Shen et al., 2005; Bertini et al., 2006; Abdurakmonov et al., 2007; Lacape et al., 2007; Shen et al., 2011; Yu et al., 2012a; Mishra and Fougat, 2013; Mishra et al., 2013; Cai et al., 2014; Elçi et al., 2014). La secuencia de los pares de cebadores individuales puede encontrarse en la base de datos de marcadores de algodón (www.cottongen.org). La síntesis de dichos cebadores fue encargada a Integrated DNA Technologies Inc. Coralville, IA, EE. UU.

Tras varias pruebas de amplificación de los 67 marcadores en 4 variedades de algodón (2 *G. barbadense* y 2 *G. hirsutum*) (**Figura 10**), las reacciones en cadena de la polimerasa (PCR) finales se llevaron a cabo en un volumen de 10 µL con 25 ng de ADN, 2 µl de tampón de reacción GoTaq® 5X, 2,5 mM MgCl₂ (variable), 0,3 mM dNTP, 0,3 mM de cada par de cebadores SSR (“forward” y “reverse”) y 0,25 U GoTaq®G2 (Promega, Madison, WI, EE. UU.). Las condiciones generales de la PCR fueron las siguientes: 3 min a 94°C, seguido de 40 ciclos de 30 s a 94°C, 30 s a 55°C (variable), 30 s a 72°C y 10 min a 72°C de extensión final. En las PCRs de algunos marcadores, la concentración de MgCl₂ (2, 2,5 o 3 mM) y la temperatura de anillamiento (52, 55 o 58°C) fueron ajustadas para mejorar la especificidad de la reacción de PCR y optimizar la amplificación (**ANEXO I**). En la **Figura 10**, podemos visualizar marcadores SSR que amplificaron correctamente con las condiciones antes descritas (NAU1167, NAU1043 y BNL3563), junto a otros marcadores cuyas condiciones de MgCl₂ y temperatura fueron ajustadas (JESPR0153, CIR0413 y BNL3563) por poseer poca especificidad y mostrar amplificaciones multibandas. En 5 marcadores no fue posible conseguir ninguna amplificación como el caso del marcador NAU2272 (**Figura 10**), en los que se obtuvo una banda final entre las 50-100 pb que representa el resto de marcador (dímeros) y posible ARN. Tras la optimización de las PCRs, se eligieron tripletes de marcadores con tamaños de amplificaciones aparentemente distintos en los geles de agarosa al 1,5% para poder multiplexar las reacciones de PCR en 21 grupos de análisis o triplex (3-4 reacciones de PCR distintas por muestra). En estas amplificaciones finales de todos los marcadores SSR en todos los genotipos del estudio, los

cebadores “forward” fueron marcados en el extremo 5' utilizando 0,3 mM de cada fluorocromo (6-FAM, HEX o NED), 0,3 mM del cebador “reverse” y 0,15 mM del cebador “forward”. Los productos de ADN amplificados y marcados fueron separados mediante electroforesis capilar usando un ABI Prism 3130XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems/Life Technology, Foster City, CA, EE. UU.) y empleando GeneScan-400 Rox® como estándar interno de tamaños de ADN. Estos análisis fueron realizados en el SCAI (Servicios Centrales de Apoyo a la Investigación, Campus de Rabanales, Universidad de Córdoba). Toda la información sobre la naturaleza, origen y condiciones de amplificación específicas de los marcadores SSR utilizados en este estudio, está recogida en el **ANEXO I**.

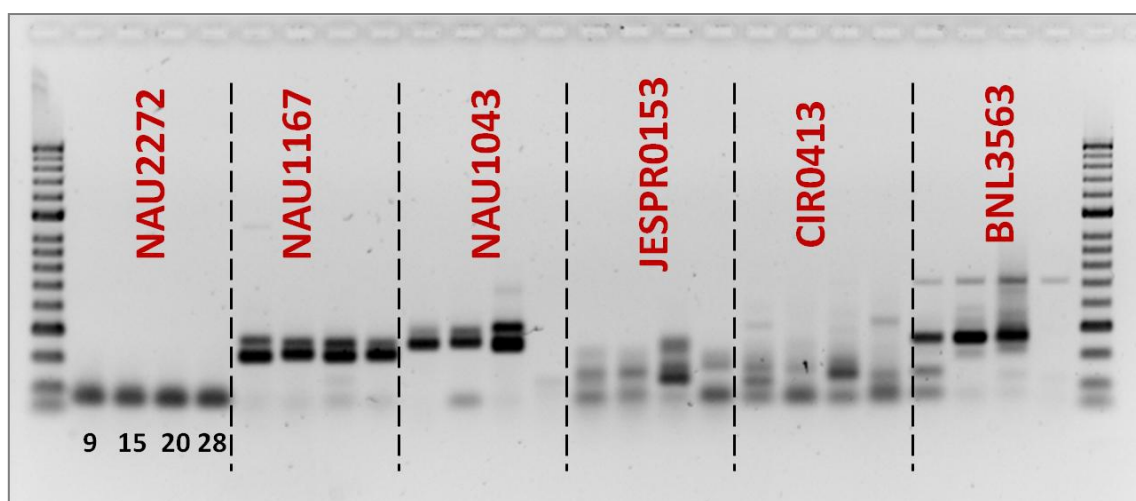


Figura 10. Ejemplos de pruebas de amplificación de los 67 marcadores SSR en 2 variedades de algodón Pima (9= Alepo y 15= E-1) y 2 variedades Upland (20= Campo y 28= Amazona), visualizadas en geles de agarosa al 1,5%. Como referencia tenemos a ambos lados el marcador de pesos moleculares Hyperladder 50 pb.

2.3. Análisis de la ploidía

También se realizó un análisis de una accesión desconocida mediante citometría de flujo para determinar su nivel de ploidía y averiguar su posible origen botánico. Siguiendo a Moreno et al., (2006), se emplearon como patrón interno muestras del cultivar local de espárrago tetraploide 'Morado de Huetor' y luego se compararon con el cultivar Amazona (*G. hirsutum*, allotetraploide) y nuestra variedad desconocida. Se empleó un citómetro de flujo Partec PA (Sysmex Partec GmbH, Münster, Alemania) con sus correspondientes tampones de extracción y tinción de núcleos celulares (CyStain UV Precise P, Partec).

3. Caracterización fenotípica de la colección nuclear

3.1. Diseño experimental y detalles del ensayo de campo

Las 48 variedades elegidas para el estudio de diversidad (36 *G. hirsutum*, 10 *G. barbadense*, 1 *G. arboreum* y 1 desconocida) fueron sembrados manualmente el 22 de abril de 2015 siguiendo un diseño en bloques completamente al azar con tres repeticiones. Cada bloque o parcela elemental, estuvo formado por 1 surcos de cinco metros de longitud con una distancia entre surcos de 0,75m. Se procuró una densidad homogénea de unas 8-10 plantas por metro, lo que equivaldría a unas 100.000-130.000 plantas/ha en condiciones comerciales cultivo. El ensayo se emplazó en una parcela ubicada cerca del poblado de Pinzón (pedanía de Utrera, Sevilla) a 37° 5' 45,4" N, 6° 0' 43,9" O y 8 metros de altitud sobre el nivel del mar. El clima de esta localidad es Mediterráneo Sub-Continental de inviernos cálidos debido a influencia oceánica (Capel Molina, 1977). La precipitación media de la zona en los últimos 10 años es 542 mm y una ETP (Evapotranspiración) de 1387,6 mm (datos medidos por la estación agroclimática nº21, Centro IFAPA Los Palacios, Sevilla). Los suelos del ensayo fueron en el pasado del tipo Salino Marismas (Salorthidic fluvaquents), aunque tras el drenaje y desalación de estas zonas en 1970 para su puesta en producción agrícola, la salinidad se ha visto reducida, y por tanto en la actualidad estos suelos podrían asemejarse también a un suelo tipo vertisol o Bujeo Campiña (Entic chromoxerets) (De la Rosa, 1984). Según datos de la Red Andaluza de Experimentación Agraria (Junta de Andalucía, 2006), esta zona cuenta con un pH en torno a 7,51, una conductividad eléctrica (C.E.) de 0,553 mmhos/cm y una textura de suelo arcillosa.

Al realizarse el ensayo dentro de una parcela comercial de algodón, nuestras variedades recibieron todos los cuidados habituales de cultivo: labores del suelo, herbicidas, fertilizantes, plaguicidas (contra *Heliotis*, *Helicoperva armigera* Hübner; gusano rosado, *Pectinophora gossypiella* Saunders; araña roja, *Tetranychus urticae* C.L. Koch), reguladores de crecimiento, etc. Las dosis de las materias activas y los momentos de aplicación siguieron las pautas de Protección Integrada marcadas por la Política Agrícola Común vigente. Tan solo los agentes defoliantes, habituales al final del cultivo, no fueron aplicados en nuestro ensayo para poder diferenciar hasta el final los distintos estadios de maduración. El tipo de riego fue por gravedad a través de surcos, a razón de un surco irrigado por cada dos surcos de plantas, según obligan las políticas medioambientales. En total se realizaron 7 dotaciones de riego cada 18-23 días correspondiendo el primer riego con el día de la siembra, hasta alcanzar un total de 4.000m³/ha (1.000 m³/ha aplicados para la nacencia y 3.000 m³/ha a lo largo del cultivo).

En este ensayo, las 48 variedades, se evaluaron para un total de 23 caracteres fenotípicos: 9 relacionados con la morfología, 7 relacionados con la producción y 7 con la calidad de la fibra. En cada una de las 3 repeticiones, el valor de cada carácter evaluado procede de la media de tres plantas elegidas de los 3 metros centrales. Los datos fenotípicos fueron

tomados en campo entre el 26-27 de agosto de 2015 (126 días desde siembra), coincidiendo con la apertura o madurez de las primeras cápsulas de algodón. En cada repetición, se seleccionó el metro lineal más representativo y homogéneo, y se contaron las plantas existentes. Recordemos que la siembra fue manual, y el número de plantas pudo variar en algunas repeticiones por motivos de germinación, falta de semilla o accidentes posteriores en las labores agrícolas. Este valor que está relacionado con la densidad de siembra será tenido en cuenta a la hora de interpretar algunos resultados.

3.2. Caracteres relacionados con la morfología

La mayoría de los parámetros analizados respecto a la morfología vegetal, son recomendaciones de la UPOV (2001) para la caracterización de *Gossypium* spp. y otros son caracteres asociados con el estado fisiológico del cultivo. Algunos de estos caracteres, además, pueden introducirse en softwares específicos que permiten el Mapping o el mapeo en campo para visualizar el estado fenológico y agronómico del cultivo en ese momento. Con esta información, podemos planificar y optimizar el manejo a través del seguimiento de algunos caracteres, ayudando en la toma de decisiones al ajustar las labores agrícolas en función de las necesidades concretas del cultivo. En definitiva, con estos datos fenotípicos podemos conocer la forma en la que la planta se estructura, es decir, cómo desarrolla nudos, posiciona flores, retiene el fruto y lo desarrolla. En la **Figura 11**, se presenta un esquema de los componentes y estructura de una planta tipo de algodón, que ayudará a entender mejor los distintos caracteres evaluados que a continuación se definen.

La mayoría de estos 9 caracteres morfológicos están relacionados con la precocidad y/o el vigor alcanzado por cada variedad a los 126 días tras la siembra, y son caracteres que condicionan las labores de manejo:

1. *Altura de planta (AT)*: es la distancia en centímetros desde el nudo de los cotiledones (nudo 0) hasta el ápice final.
2. *Número total de nudos vegetativos (NT)*: se obtiene contando los nudos desde el nudo cotiledonar (0) hasta el último nudo que albergue una hoja expandida mayor que el tamaño de una moneda de 1 euro.
3. *distancia media de los entrenudos (HNR, del inglés Height-to-Node Ratio)*: se calcula dividiendo la altura de la planta entre el número total de nudos. Esta distancia nos permite intuir la morfología espacial de la planta en función de la distancia entre las ramas (forma compacta, intermedia o laxa). Se considera que una distancia de menos de 4 cm está relacionada con un bajo vigor en el desarrollo, y por encima de 5,5 cm la planta está creciendo de forma acelerada.

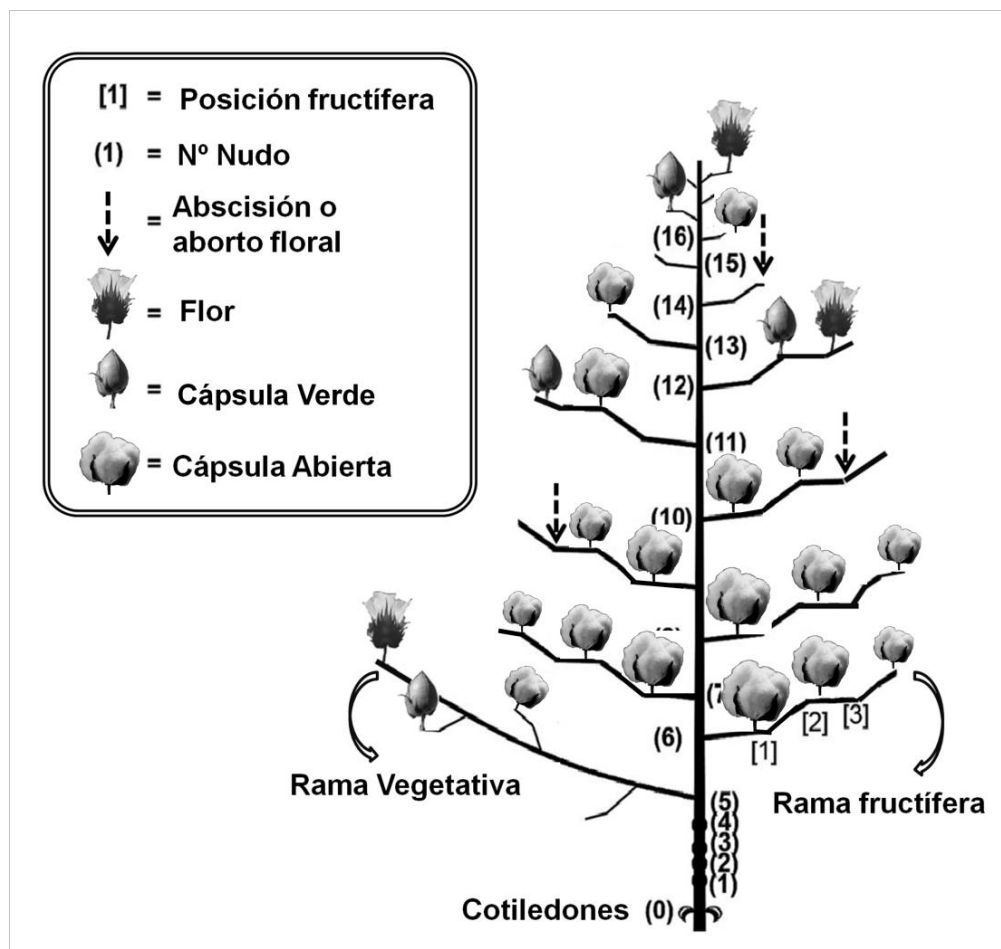


Figura 11. Esquema de la estructura de una planta de algodón, donde pueden distinguirse las ramas fructíferas y vegetativas, y la distribución de los distintos órganos fructíferos (Flores, Cápsulas Verdes y Abiertas, Abscisiones) en los distintos nudos y posiciones fructíferas.

4. *Distancia media de los últimos 5 entrenudos apicales (ATop5):* se utiliza habitualmente para analizar si el balance entre el crecimiento vegetativo y el fructífero está en armonía. Los valores de ATop5 entre 3,5 y 4,5 cm de media por entrenudo muestran un vigor adecuado en torno a la floración, mientras que al final del cultivo la distancia suele acortarse al reducirse el crecimiento vegetativo (<3,5 cm).
5. *Número ramas fructíferas (RF):* son aquellas procedentes de nudos simpodiales y soportan flores y frutos. Por tanto, intervienen directamente en el rendimiento potencial de la planta (**Figura 11**).

6. *Nudo de la primera rama fructífera (N1RF)*: es un carácter generalmente genético y está relacionado con la precocidad de la variedad en su entrada en producción, por tanto suelen encontrarse N1RF más bajos en las variedades de ciclos cortos y viceversa en las de ciclos largos.
7. *Número de ramas vegetativas (RV)*: son aquellas procedentes de nudos monopodiales que no dan lugar en principio a órganos fructíferos, aunque en determinadas ocasiones tienen la posibilidad de generar otras ramas fructíferas, comportándose entonces como un tallo principal (**Figura 11**). Conviene que RV sea lo más cercano a cero, pues la planta estará desviando y malgastando nutrientes en la formación de ramas no necesariamente fructíferas o productivas.
8. *Nº frutos en ramas vegetativas (RVF)*: en el caso de que una planta presente ramas vegetativas con frutos, estos se sumarán y se dividirán entre el número total de ramas vegetativas. Interesa que no haya frutos, pues serán de baja calidad y pequeños.
9. *Encamado (ENC)*: el encamado se refiere al desplazamiento permanente de alguna de las partes superiores de los cultivos respecto a su posición vertical debido al pandeo del tronco o al fallo del sistema de anclaje raíz-suelo. Esta deformación es importante pues reduce el rendimiento y puede dificultar la recolección. Se evaluó según una escala de variación de 1 a 5, donde 1 indica que no hay encamado (similar a cv. Amazona) y 5 cuando hay mucho encamado (similar a cv. Alepo).

3.3. Caracteres asociados con la producción

1. *Número de flores (FL)*: se consideraron flores (FL) a los botones florales del tamaño de una lenteja hasta las flores cerradas justo antes de la antesis.
2. *Número de cápsulas verdes (CV)*: desde flores abiertas (ya autofecundadas) hasta cápsulas verdes cerradas o con menos de 2 cm de apertura.
3. *Número de cápsulas abiertas (CA)*: o maduras desde aquellas cápsulas abiertas más de 2 cm hasta las completamente maduras y secas con la fibra a la vista.
4. *Número de abscisiones (AB)*: son todos los abortos de órganos fructíferos dentro de ramas fructíferas y vegetativas, que se identifican por una cicatriz en las posiciones fructíferas vacías de frutos.

5. *Frutos totales (FruTot)*: Se estimó como el sumatorio de las flores, cápsulas verdes y abiertas: $FruTot = F + CV + CA$.
6. *Porcentaje de retención de frutos (RET)*: El porcentaje de retención se refiere al éxito acumulado de fructificación, es decir, al potencial de cada genotipo para mantener todos los frutos que inicialmente desarrolla. Se estimó como % entre el número de posiciones fructíferas donde pueden formarse o ya se han desarrollado cápsulas, y el número total de posiciones fructíferas que potencialmente la planta hubiera desarrollado considerando las abscisiones, esto es: $RET = ((F + CV + CA) / (F + CV + CA + AB)) \times 100$. Este porcentaje es muy interesante para evaluar la adaptabilidad de dicho genotipo al ambiente, ya que el algodón regula principalmente sus desbalances fisiológicos eliminando flores y frutos dañados en momentos de estrés.
7. *% Fibra o Ginning Out-Turn (GOT)*: es el porcentaje o cantidad de fibra neta resultante de la desmotación del algodón (separación de las semillas) respecto al peso inicial de la muestra de algodón bruto del campo (fibra + semillas).

3.4. Caracteres de calidad de la fibra

Las muestras de fibra de las 48 variedades fueron tomadas el 15 de octubre a los 175 días fenológicos, coincidiendo con la madurez final del cultivo. En cada repetición, se recogió de manera homogénea todo el algodón bruto a lo largo de los 3 metros centrales, seleccionando cápsulas de todas las posiciones (inferiores, intermedias y superiores). Estas muestras de algodón fueron procesadas mediante una pequeña desmotadora eléctrica de rodillos para conseguir muestras de al menos 150 gramos de fibra neta por cada repetición para el análisis de calidad de fibra. Posteriormente, las muestras de fibra se conservaron durante 48 horas en una habitación controlada a $20 \pm 2^\circ\text{C}$ y humedad relativa de $65 \pm 2\%$. Estas condiciones estándares de medida, permiten la homogeneización de todas las muestras antes de su análisis de calidad de fibra. Para estos análisis de fibra de las 48 variedades se usó un equipo HVI (High Volume Instruments) del tipo Uster® Spinlab 900A (Uster, Suiza) propiedad de la empresa Algodonera del Sur S.A., que fue previamente calibrado según los estándares de calidad elaborados por el Servicio de Marketing Agrícola del programa de algodón del Departamento de Agricultura de Estados Unidos (USDA-AMS). Para la separación o catalogación de los distintos caracteres de calidad de la fibra, también se siguió la clasificación propuestas por el USDA-AMS.

A continuación, se definen brevemente los 7 parámetros físicos analizados de la fibra y la importancia de alguno de ellos dentro de la industria textil.

1. **Longitud (LEN):** en cualquier muestra de algodón, hay una gran variación en la longitud de las fibras individuales. Por tanto, al no existir uniformidad natural en las longitudes de las fibras, hay que tener en cuenta su distribución. La medida de longitud que ofrece el HVI es la denominada UHML (Upper-Half Mean Length), y es la media del 50% de las fibras más largas en una muestra dada de fibras. Estos valores son equivalentes a la longitud comercial y han sido convertidos a milímetros (mm). En la **Tabla 2** puede observarse la interpretación de los valores HVI en lo que a longitud comercial se refiere, tanto para fibras de algodones convencionales (Upland), como fibras extra largas (tipo Pima).

Tabla 2. Clasificación de la longitud de fibra

Longitud de fibra (LEN, mm)			
Upland (<i>G. hirsutum</i>)		Pima (<i>G. barbadense</i> e Híbridos Interespecíficos H x B)	
Inferior a 25	Corta	Inferior a 30,5	Corta
25-28	Media	30,5-34,54	Larga
28-32	Larga	Superior a 34,54	Extra Larga
Superior a 32	Muy Larga		

2. **Índice de Uniformidad (UNF):** En una muestra de fibra dada la uniformidad es la relación entre su longitud media y su longitud media superior (UHML o LEN) en porcentaje. Cuanto mayor sea este índice, más homogénea es la longitud de las distintas fibras de esa muestra y por tanto mejor calidad tendrá el algodón. En la **Tabla 3** puede observarse la interpretación de los valores HVI de la uniformidad en lo que a fibra comercial se refiere.

Tabla 3. Clasificación de la Uniformidad de la longitud de la fibra

Índice de Uniformidad (UNF %)	
Inferior a 77	Muy baja
77-79	Baja
80-82	Promedia
83-85	Alta
Superior a 85	Muy alta

3. *Resistencia (STR)*: La medida dada por el HVI (a veces llamada carga de rotura), es la resistencia que alcanzan las fibras justo antes de romperse y se expresa en gramos de fuerza por unidad Tex (g/tex). Un Tex es una unidad de medida de la densidad de masa lineal de fibras e hilos y se define como el peso en gramos de 1.000 metros de esa fibra o hilo (Collier, 1970). La resistencia de la fibra es en la actualidad el parámetro más importante para la industria textil. La **Tabla 4** expresa la interpretación de los valores HVI obtenidos.

Tabla 4. Clasificación de la Resistencia de la fibra

Resistencia (STR, g/tex)	
Inferior a 23	Muy débil
24-25	Débil
26-28	Promedio
29-30	Resistente
Superior a 31	Muy resistente

4. *Índice de fibras cortas (SFI)*: Es una estimación del porcentaje en peso de fibras menores de 12,7mm respecto al contenido total de fibras (%). Normalmente, estas fibras no son útiles para la producción de hilo, pues causan roturas, ganchos y mala apariencia de los hilos de algodón, y por tanto son eliminadas en el proceso como desperdicio. Su porcentaje es superior cuando se recolecta el algodón con las cosechadoras tipo Stripper. La **Tabla 5** expresa la interpretación de los valores HVI obtenidos.

Tabla 5. Clasificación del Índice de fibras cortas

Índice de fibras cortas (SFI, %)	
Inferior a 6	Muy bajo
6-9	Bajo
10-13	Promedio
14-17	Alto
Superior a 18	Muy alto

5. *Elongación (ELG)*: La elongación es una medida del comportamiento elástico de las fibras durante la medición de la longitud y la resistencia a la tracción. Se refiere al porcentaje de cuánto se alarga una fibra antes de que se rompa respecto a su longitud inicial, y se expresa como porcentaje del alargamiento. Normalmente se relaciona la

elongación con la resistencia de la fibra. La **Tabla 6** expresa la interpretación de los valores HVI obtenidos.

Tabla 6. Clasificación de la Elongación de la fibra

Elongación (ELG, %)	
Inferior a 5,0	Muy baja
5,0-5,8	Baja
5,9-6,7	Promedio
6,8-7,6	Alta
Superior a 7,6	Muy alta

6. *Micronaire (MIC)*: El micronaire es una medida de la permeabilidad de las fibras comprimidas de algodón de un peso determinado, ante un flujo de aire estándar. La oposición de las fibras al flujo de aire origina una diferencia de presión que es convertido a unidades de micronaire. El Micronaire es, por tanto, un indicador de la madurez y la finura de la fibra, y está relacionado con un mayor o menor diámetro de la misma. Así pues, está asociado con el grado de engrosamiento y la calidad de las capas de celulosa depositadas en la fibra (**Figura 12**). En condiciones normales, un bajo Micronaire suele indicar fibras inmaduras, aunque también puede tratarse de fibras naturalmente finas. Existe un rango de Micronaire Premium, entre 3,7 y 4,2, cuando la cantidad de celulosa es la adecuada para la absorción y retención del colorante. Valores inferiores a 3,4 o superiores a 5 conllevan penalización en el precio del algodón. La **Tabla 7** expresa la interpretación de los valores HVI obtenidos.

Tabla 7. Clasificación del Micronaire de la fibra

Micronaire (MIC)	
Inferior a 3,4	Muy fina
3,5-3,6	Fina
3,7-4,2	PREMIUM
4,3-4,9	Áspera
Superior a 5	Muy áspera

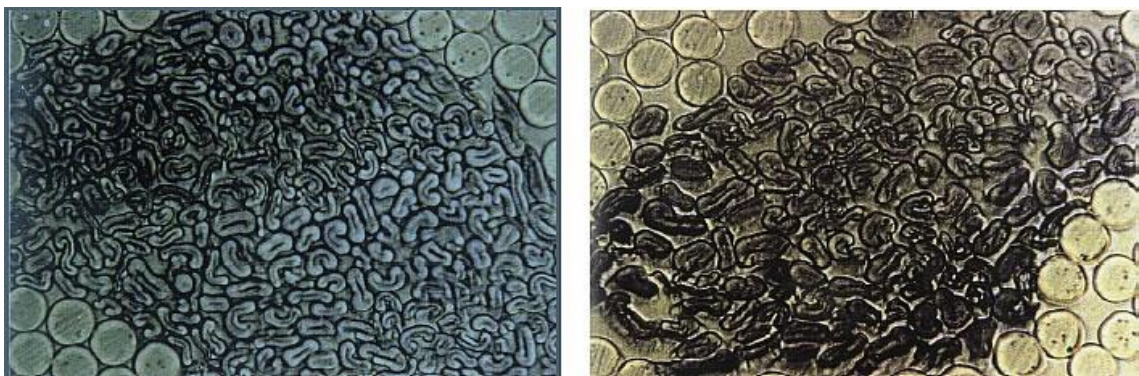


Figura 12. Secciones de una muestra de fibra de algodón observada con microscopio óptico: Izq., Fibras con micronaire de 3,8 tipo PREMIUM; Dcha., Fibras con micronaire de 5,2 (Fuente: Cotton Incorporated).

7. *Madurez (MAT)*: Es un valor relativo al desarrollo de las fibras. Desde un punto de vista físico y fisiológico, la madurez de la fibra se acepta generalmente como el grado de espesor de la pared de celulosa en comparación con el diámetro o finura de la fibra, y viene dada en porcentaje. Está por tanto directamente relacionada con el Micronaire. La madurez del algodón es determinante para la calidad del teñido, la absorción y fijación del color. Las fibras inmaduras generarán con mayor facilidad fibras cardadas (nudos o neps) y un mal teñido. La **Tabla 8** expresa la interpretación de los valores HVI obtenidos.

Tabla 8. Clasificación de la madurez de la fibra

Madurez (MAT, %)	
Inferior a 70	Muy inmadura
70-80	Inmadura
80-90	Madura
Superior a 90	Muy madura

4. Desarrollo y evaluación de Híbridos Interespecíficos

4.1. Elección de parentales y diseño de cruzamientos

Con el conocimiento y asesoramiento de la empresa Algodonera del Sur S.A., se realizaron durante los años 2013-2015 distintas evaluaciones preliminares sobre futuros híbridos *G. hirsutum* × *G. barbadense* potenciales. Inicialmente se seleccionaron como donantes potenciales 7 variedades de algodón Upland (*G. hirsutum*) como parentales femeninos y 7 variedades de algodón Pima (*G. barbadense*) como parentales masculinos. Con estas 14 variedades se generaron un total de 49 combinaciones de híbridos interespecíficos F1, que fueron evaluados en los veranos de 2014 y 2015 a razón de un surco de 10m por cada híbrido, pero sin repeticiones. En estos ensayos iniciales se fueron descartando parentales que generaran combinaciones híbridas con excesivo vigor, con ciclos muy largos o con mayor susceptibilidad a *Verticillium*. Finalmente, fueron elegidos 9 parentales (4 *G. hirsutum* y 5 *G. barbadense*) por haber presentado una buena adaptación frente a las condiciones de cultivo andaluzas, o una buena calidad de fibra, adecuada precocidad y/o una mayor afinidad de las abejas hacia su polen (carácter observado por Hazera Seeds Ltd., Israel, comunicación personal) (Tabla 9), además de haber mostrado un buen potencial para la obtención de híbridos interespecíficos superiores según las evaluaciones previas citadas anteriormente.

Tabla 9. Características, origen de mejora y código identificativo del material vegetal utilizado para la obtención y evaluación de híbridos interespecíficos.

Especies	Variedades	ID.	Origen mejora	Características
Parental femenino ♀ (<i>G. hirsutum</i>)	Lider	17	Grecia	Muy buena adaptación, buen rendimiento, ciclo medio
	Amazona	21	Grecia	Muy alta calidad de fibra, cápsulas grandes, genes Stay Green, ciclo corto
	Celia	22	Australia	Muy alta calidad de fibra, cápsulas grandes, alta producción, ciclo largo
	Elpida	45	Grecia	Calidad de fibra PREMIUM, altos rendimientos, ciclo super corto
Parental masculino ♂ (<i>G. barbadense</i>)	Alepo	6	Cáucaso	Gran cantidad de polen, alta afinidad abejas, ciclo extra largo
	Cima	7	Cáucaso	Buena cantidad de polen, buena afinidad abejas, ciclo extra largo
	Armada	8	Cáucaso	Buena adaptación, alta producción, ciclo extra largo
	Lanovia	9	Cáucaso	Buena adaptación, buena producción, ciclo medio/largo
	GW-4269	14	EE. UU.	Buena adaptación, alta resistencia fibra, ciclo medio/largo
Testigo comercial (Híbrido: H x B)	Intercott-211	211	Israel	Testigo comercial: muy alta producción, ciclo medio/largo
	Intercott-670	670	Israel	Testigo comercial: muy alta producción, ciclo medio/largo

Se siguió un diseño de cruzamientos North Carolina II (NC-II) (Comstock y Robinson, 1948, 1952) para la obtención de 20 combinaciones distintas de híbridos, empleando como madre siempre a las variedades *G. hirsutum*. Para determinar el potencial fenotípico de posibles híbridos superiores, se utilizaron como testigos los híbridos comerciales de mayor cultivo en Andalucía, Intercott-211 e Intercott-670. El estudio morfológico, agronómico, productivo y de calidad de fibra permitirán evaluar la potencialidad de nuestras 20 combinaciones de híbridos interespecíficos, así como conocer la aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) de los parentales empleados.

4.2. Método de hibridación (emasculación y polinización)

Las labores de cruzamiento de los 20 híbridos del estudio para la obtención de suficiente semilla para el ensayo de 2016 fueron realizadas durante los veranos de 2014 y 2015, en los meses de julio y agosto. El proceso de cruzamiento entre los parentales se separó en dos fases: la primera fase consistió en emascular las flores que posteriormente serían utilizadas como parentales femeninos, y la segunda, en efectuar los cruzamientos al día siguiente.

La primera fase comienza a partir de las cuatro o cinco de la tarde. En primer lugar, se seleccionaron botones florales de un día pre-antesis en las futuras madres de los híbridos (variedades *G. hirsutum*). Estas flores deben estar cerradas, y poseer un tamaño similar al tapón de un boli BIC (**Figura 13a**). Posteriormente se les eliminó manualmente la corola dejando los sépalos pues protegen al pistilo desnudo del abrasador sol del verano. A continuación, se realiza la emasculación o castración manual mediante la eliminación de órganos masculinos o estambres (**Figura 13c** y **Figura 13d**). Previamente, se comprobaba igualmente que el polen no hubiera madurado al presentar anteras lisas y bien cerradas que no dejan granos de polen en los dedos (granos suficientemente grandes para detección visual). Así se asegura un estigma libre de polen que evite la existencia de autofecundación. Una vez realizada esta operación, se cubrió el pistilo emasculado con un trozo de caña de plástico con el extremo doblado para su sellamiento (similar a **Figura 13f**). Con este simple elemento casero, se evita la contaminación con polen externo al prevenir del roce del pistilo con cualquier posible insecto polinizador durante las horas previas y posteriores a la polinización, cuando la fertilización de los óvulos *G. hirsutum* con el polen de *G. barbadense* se haya hecho efectiva. A continuación, las flores emasculadas se identificaron con una etiqueta roja para su rápida localización al día siguiente.

La segunda fase comenzaba al día siguiente por la mañana con el siguiente proceso:

- Recogida de las flores *G. barbadense* o parentales masculinos que estuviesen a punto de abrir (en antesis), guardándose hasta su apertura para ser usada como donante de polen. Normalmente, una flor *G. barbadense* es suficiente para polinizar 3 flores *G. hirsutum*, ya que

suelen tener mayor cantidad de polen. Por tanto, la recogida puede ajustarse al número de emasculaciones programadas.



Figura 13. Etapas del proceso de polinización para la obtención de híbridos interespecíficos de algodón: a) Tamaño ideal de las flores *G. hirsutum* elegidas para emascular, junto a los sépalos dentados; b) misma flor, pero sin sépalos para facilitar la visualización del proceso; c) eliminación de la corola; d) eliminación manual de los estambres con anteras inmaduras (cerradas); e) polinización de la flor emasculada (identificada con etiqueta roja) con el macho *G. barbadense* correspondiente; f) protección del pistilo emasculado con un trozo de caña de plástico sellada por arriba e identificación del cruzamiento con etiqueta blanca.

- Una vez abiertas las flores masculinas (ya habían perdido la humedad del amanecer), procedíamos a la polinización de las flores emasculadas. Con sumo cuidado, se frotaban las anteras cargadas de polen a lo largo del estigma de la flor seleccionada como parental femenino, dejando adherido suficiente polen (estigma se ve amarillo). A continuación, se cubría de nuevo el estigma con una caña de plástico para proteger y asegurar la fecundación de la flor con el polen deseado en los siguientes 1-2 días. Por último, se procedió a marcar la flor con la identificación del cruce realizado y la fecha de la polinización, así como su anotación en el cuaderno de campo para llevar la cuenta de las polinizaciones realizadas y los posibles abortos florales que pudieran ocurrir más adelante.

4.3. Diseño experimental y detalles del ensayo de campo

Las 20 combinaciones de híbridos F1 finalistas, fueron sembrados manualmente el 23 de abril de 2016 siguiendo un diseño en bloques completamente al azar con tres repeticiones e

incluyendo en cada repetición los dos híbridos comerciales Intercott-211 e Intercott-670 como testigos. Cada parcela elemental (o bloque) estuvo formada por un surco de cinco metros de longitud, con una distancia entre surcos de 0,95m. Se procuró una densidad homogénea de unas 7-11 plantas por metro, lo que equivaldría a la densidad de siembra recomendada para híbridos de algodón (75,000-125,000 plantas por hectárea). La parcela donde se emplazó el ensayo de híbridos se ubicó cerca del poblado de Los Chapatales (pedanía de Los Palacios y Villafranca, Sevilla) a 37° 8' 52" N, 5° 59' 23,9" O y 8 metros de altitud sobre el nivel del mar. De nuevo, el ensayo fue realizado dentro de otra parcela comercial de algodón, y nuestros híbridos al igual que en la colección recibieron los cuidados habituales de cultivo ya citados anteriormente. El tipo de riego también fue por gravedad a través de surcos, a razón de un surco irrigado por cada dos surcos de plantas. En total se realizaron 6 dotaciones de riego cada 18-20 días correspondiendo el primer riego con el día de la siembra, hasta alcanzar un total de 4,000m³/ha (1,000 m³/ha aplicados para la nascencia y 3,000 m³/ha a lo largo del cultivo).

4.4. Caracterización fenotípica de los híbridos

Para este ensayo de valor de las 20 combinaciones de híbridos, se evaluaron un total de 29 caracteres fenotípicos: 9 relacionados con la morfología, 10 relacionados con la producción y 10 con la calidad de la fibra. En cada una de las 3 repeticiones, el valor de cada carácter evaluado procede de la media de tres plantas elegidas de los 3 metros centrales. De nuevo, en cada repetición se tuvo en cuenta el nº de plantas por metro lineal para hacer comparaciones entre combinaciones de híbridos y para el cálculo estimado de los rendimientos. Los datos fenotípicos fueron tomados en campo entre el 5-6 de octubre de 2016 (165 días desde siembra), coincidiendo con madurez final del cultivo. Muchos de los parámetros evaluados en los híbridos, coinciden con los evaluados anteriormente en el estudio de diversidad, y en este punto sólo serán definidos aquellos que sean diferentes o nuevos.

4.4.1. Caracteres morfológicos

1. *Altura de planta (AT).*
2. *Número total de nudos vegetativos (NT).*
3. *Distancia media de los entrenudos (HNR, del inglés Height-to-Node Ratio).*
4. *Distancia media de los últimos 5 entrenudos apicales (ATop5).*
5. *Número ramas fructíferas (RF).*
6. *Nudo de la primera rama fructífera (N1RF).*
7. *Número de ramas vegetativas (RV).*
8. *Nº frutos en ramas vegetativas (RVF).*
9. *Encamado (ENC).*

4.4.2. Caracteres asociados con la producción

1. *Peso medio por cápsula (Pcap)*: En cada repetición se recogieron 10 cápsulas maduras, tratando que fueran todas de la zona intermedia de la planta. Posteriormente se pesaron y se estimó el peso medio (g) de una cápsula madura (fibra + semilla). El peso de las cápsulas es uno de los factores más determinante del rendimiento total de una variedad.
2. *% Fibra o Ginning Out-Turn (GOT)*
3. *Número de flores (FL)*.
4. *Número de cápsulas verdes (CV)*.
5. *Número de cápsulas abiertas (CA)*.
6. *Número de abscisiones (AB)*.
7. *Frutos totales (FruTot)*: Se estimó como el sumatorio de las cápsulas verdes y abiertas: $FruTot = CV + CA$. Las flores (F) no se contabilizaron para el cálculo de los rendimientos finales en los híbridos, pues la tardía fecha del muestreo aseguraba que esas flores nunca llegarían a madurar antes de la recogida, ya que necesitan casi dos meses para madurar y llegar a cápsula madura.
8. *Porcentaje de retención de frutos (RET)*: Se calculó como $RET = ((CV + CA) / (CV + CA + AB + F)) \times 100$.
9. *Rendimiento de fibra final (RtoFib)*: Se realizó una estima del rendimiento en fibra neta medido en kilos por hectárea (RtoFib) para cada repetición de híbridos F1. Para ello se midió en campo la separación de las plantas en cada repetición (pl/m) y se estimó la densidad de siembra (número de plantas/hectárea) teniendo en cuenta una separación de 0.95m entre líneas de plantas, resultando en: $plantas/m \times 100m$ de largo x (ancho de $100m/0,95m$). Esta densidad de siembra será usada para el cálculo aproximado de los rendimientos totales por hectárea, realizándose la siguiente operación: $RtoFib = Pcap (kg) \times GOT \times FruTot \times Densidad (plantas/ha)$.
10. *Rendimiento bruto final (RtoBrut)*: Se realizó una estima del rendimiento total de algodón bruto en kilos por hectárea (RtoBrut). Para ello se realizó la siguiente operación: $RtoBrut = Pcap (kg) \times FruTot \times Densidad (plantas/ha)$.

4.4.3. Caracteres relacionados con la calidad de la fibra

Las muestras de fibra de las 20 combinaciones de híbridos fueron tomadas el 10 de octubre a los 175 días fenológicos. En cada repetición, se recogió de manera homogénea todo el algodón bruto a lo largo de los 3 metros centrales, seleccionando cápsulas de todas las

posiciones (inferiores, intermedias y superiores). La desmotación y homogeneización de los 150 gramos de fibra por repetición fue similar al acontecido en el ensayo de diversidad anterior. Sin embargo, para el análisis de calidad de la fibra fue utilizado un equipo HVI (High Volume Instruments) más sofisticado del tipo Uster® HVI 1000 (Uster, Suiza), adquirido en el verano de 2016 por la empresa Algodonera del Sur S.A. Este equipo permitió obtener nuevos parámetros físicos de la fibra relacionados con el color y las impurezas. De nuevo, la separación o catalogación de los distintos caracteres de calidad de la fibra también siguieron las clasificaciones propuestas por el USDA-AMS definidas en el estudio anterior, y a continuación se añaden las definiciones de los nuevos parámetros.

1. *Longitud (LEN)*: Rango de valores HVI para *G. barbadense*/Híbridos en **Tabla 2**.
2. *Índice de Uniformidad (UNF)*: Rango de valores HVI en **Tabla 3**.
3. *Resistencia (STR)*: Rango de valores HVI en **Tabla 4**.
4. *Índice de fibras cortas (SFI)*: Rango de valores HVI en **Tabla 5**.
5. *Elongación (ELG)*: Rango de valores HVI en **Tabla 6**.
6. *Micronaire (MIC)*: Rango de valores HVI en **Tabla 7**.
7. *Madurez (MAT)*: Rango de valores HVI en **Tabla 8**.

8. *Brillo de la fibra (BRI)*: El brillo es una medida de la blancura de la fibra. Se mide en función del porcentaje de reflectancia (% Rd), es decir, del porcentaje de luz que es reflejada por las fibras de algodón respecto a la potencia electromagnética que incide inicialmente. Por tanto, indica el grado de pigmentación de las mismas. Este parámetro también es analizado por el equipo HVI y se representa en el diagrama de color de Nickerson/Hunter (**Figura 14**).

9. *Amarillez de la fibra (+b)*: Expresa el grado de amarillez de la luz que es reflejada por las fibras de algodón. Se determina usando un filtro amarillo y corresponde al valor de +b representado en el diagrama de color de Nickerson/Hunter (**Figura 14**).

10. *Grado de color de la fibra (ColGrad)*: La intersección de los valores del Brillo o reflectancia (Rd), con los valores de amarillez (+b) dentro del diagrama de color de Nickerson/Hunter (**Figura 14**), permite la clasificación colorimétrica de cada tipo de algodón. Este diagrama está diseñado para algodones tipo Upland, aunque posteriormente se ha utilizado para clasificar también los algodones Pima. El grado de color es la única variable cualitativa y su análisis será distinto al resto.

HVI COLOR GRADES FOR AMERICAN UPLAND COTTON

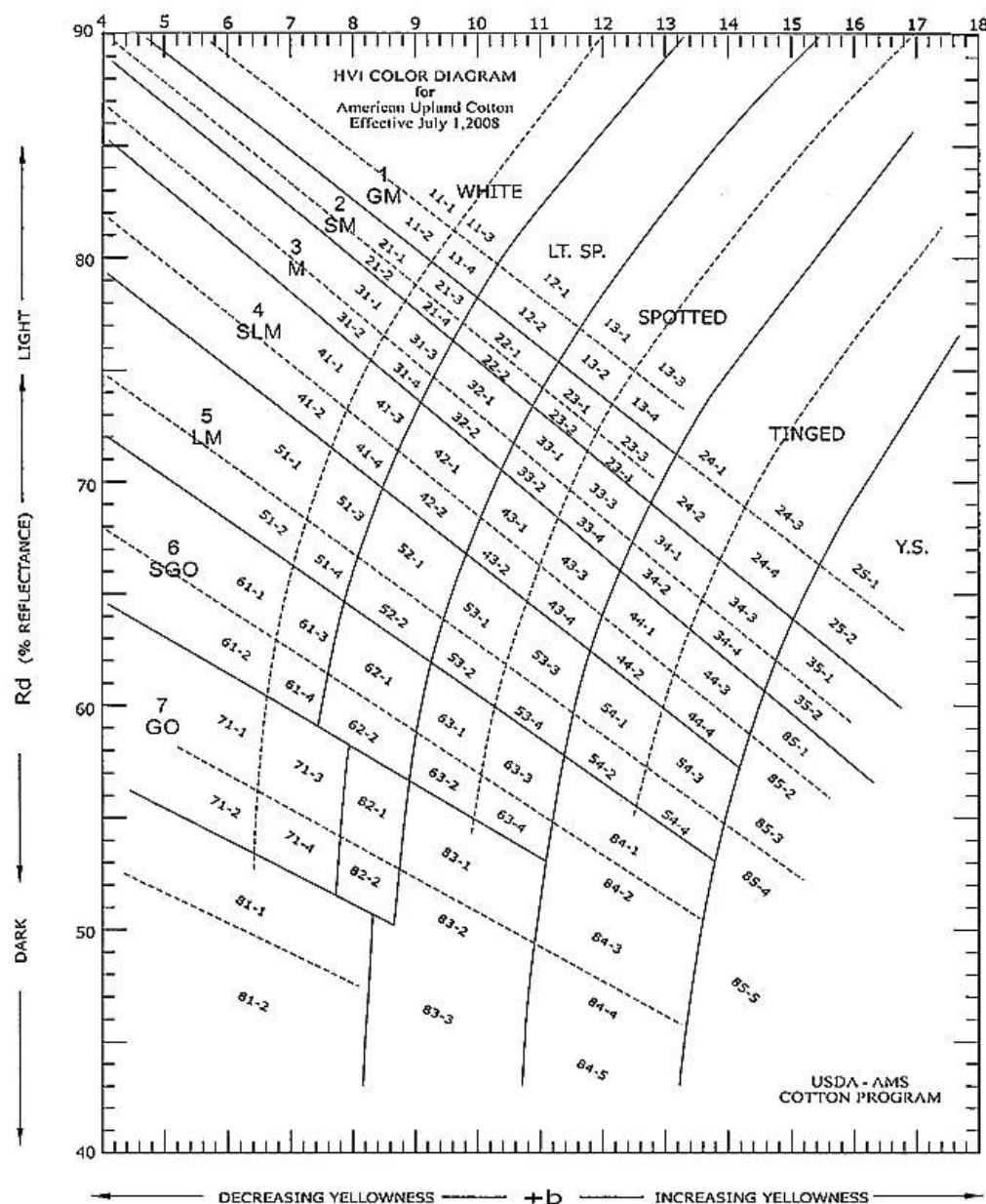


Figura 14. Diagrama de Nickerson/Hunter para la clasificación del color de los algodones, según los valores obtenidos del análisis HVI respecto al grado de amarillez (+b: White, Light Spotted, Spotted, Tinged y Yellow stain) y la reflectancia (Rd: Good Middling, Strict Middling, Middling, Strict Low Middling, Low Middling, Strict Good Ordinary, Good Ordinary y Below Grade).

5. Análisis estadísticos y genéticos

5.1. Análisis de la diversidad en la colección de trabajo

5.1.1. Análisis de la varianza (ANOVA)

Todos los caracteres y parámetros obtenidos de los ensayos de caracterización de la colección nuclear de 48 variedades en 2015 para el estudio de diversidad y de los híbridos interespecíficos de 2016, fueron descritos según los principales descriptores estadísticos como la media muestral, varianza, error estándar, etc. En segundo lugar, siguiendo el modelo de bloques al azar con tres repeticiones, se realizó un ANOVA empleando el software STATGRAPHICS Plus 5.0 (Statistical Graphics Corporation, VA, USA). En la **Tabla 10** se muestra el modelo del análisis de la varianza utilizado.

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + e_{ij}$$

Donde,
 Y_{ij} = es el valor fenotípico observado del i-ésimo genotipo o cruzamiento, dentro del j-ésimo bloque
 μ = media general
 G_i = efecto del i-ésimo genotipo o variedad
 B_j = efecto del j-ésimo bloque
 e_{ij} = efecto del error correspondiente a la observación ij

Tabla 10. Análisis de la varianza y cuadrado medio esperado (CME) para un diseño de bloques al azar.

Fuentes de variación	Grados de libertad	CME
Repeticiones (r)	(r-1)	$\sigma_e^2 + g\sigma_r^2$
Genotipos (g)	(g-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma_g^2$
Error	(r-1)(g-1)	σ_e^2
Total	(rg-1)	

Donde,
 r= Número de repeticiones
 g= Número de genotipos
 σ_r^2 = Varianza debida a las repeticiones
 σ_g^2 = Varianza debida a los genotipos
 σ_e^2 = Varianza debida al error

Se estimó también el coeficiente de variación (CV) del ANOVA para cada carácter evaluado. En este caso es un indicador de la importancia del error experimental.

$$C.V. = \frac{\sqrt{CM_e}}{\mu} \times 100$$

Donde,

CM_e = Cuadrado medio del error

μ = media del carácter evaluado

A partir de los datos del ANOVA, aplicado a cada grupo de especies por separado (*G. hirsutum* y *G. barbadense*), se estimó también la heredabilidad en sentido amplio (H^2) como la proporción de la varianza fenotípica de los caracteres atribuible a la varianza genética entre genotipos. La variación entre individuos se puede deber a factores genéticos y/o ambientales. Por tanto la H^2 estimó como (Allard, 1960):

$$H = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2}$$

Los componentes de la varianza genotípica (σ_g^2) y ambiental (σ_e^2), pueden ser estimados mediante los valores de los cuadrados medios (CM) derivados del análisis de la varianza.

$$\sigma_g^2 = \frac{CM_{Variedad} - CM_{Error}}{r}$$

$$\sigma_e^2 = CM_{Error}$$

Las medias de las 46 variedades caracterizadas en el estudio de diversidad y de las dos especies principales (*G. hirsutum* y *G. barbadense*) fueron comparadas mediante el método LSD (Diferencia Mínima Significativa) con un nivel de confianza del 99% para aquellos caracteres que fueron significativos. En el caso de la comparación de medias entre las distintas especies no fue incluido como grupo *G. arboreum* por estar representado contar sólo con una variedad (A2-0008) así como la variedad Kibala, de genética desconocida. Se incluyó en la comparación el coeficiente de determinación (R^2 , %) para conocer qué porcentaje de toda la variación encontrada se debe a las diferencias entre especies. Un alto porcentaje de R^2 para un carácter (>20%) nos indicaría que esa variable separa o caracteriza bien las distintas especies. El R^2 se calcula utilizando las sumas de cuadrados (SC) del análisis de la varianza:

$$R^2 = \frac{SC \text{ entre especies}}{SC \text{ 46 genotipos}}$$

De nuevo, estos análisis se realizaron con el software STATGRAPHICS Plus 5.0.

5.1.2. Anál isis de Grupos

Los resultados obtenidos de los marcadores SSR mediante electroforesis capilar fueron analizados mediante el software libre Peak Studio v.2.2. (Bioinformatics Solutions Inc., Waterloo, ON, Canadá). Utilizando un umbral GeneCall de 0.45, los picos encontrados o supuestos alelos se puntuaron como 1 (presente) o 0 (ausente) en cada cultivar para generar una matriz binaria de 0 y 1. Basá ndonos en el algoritmo de Jaccard, se calculó una matriz de distancia genética ejecutando el software NTSYSpc 2.1. y utilizando el método de agrupamiento por pares de medias aritméticas no ponderadas (UPGMA, Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean) se construyó un dendrograma. Se calcularon también los valores del índice de contenido de información polimórfica, PIC (Polymorphic Information Content) de cada marcador SSR mediante $PIC = 1 - \sum p_j^2$, donde p_j es la frecuencia del j-ésimo alelo en los cultivares examinados (Anderson et al., 1993).

5.1.3. Anál isis de Componentes Principales (ACP)

Con los datos cuantitativos evaluados (morfológicos, de rendimiento y de calidad de fibra) en la colección de variedades de este estudio, se llevó a cabo un Anál isis de Componentes Principales (ACP). Esta técnica estadística de síntesis de la información consiste en la reducción de un número elevado de variables correlacionadas a un número de nuevas variables (componentes principales: CP) que son función lineal de las variables antiguas o de partida ($y_i = \sum_{j=1}^p a_{ij}x_j$) y que tienen la propiedad de ser ortogonales siendo la primera componente la que más variación explica de la variación total, la segunda menos que la primera pero más que las demás y así sucesivamente. De esta manera, con pocas variables podemos explicar la mayor parte de la variación original o total.

El análisis parte de la matriz de coeficientes de correlación (**ANEXO IV**) entre variables antiguas y mediante su diagonalización se obtienen unos valores propios (λ_i), cada uno asociado a un vector propio y que son ortogonales entre sí. Estos serían los componentes principales y cada valor propio lleva asociado una varianza. Mediante el producto $a_{ij}\sqrt{\lambda_i}$ se puede estimar el coseno que forma cada variable antigua con las nuevas (cosenos directores) y que correspondería a los coeficientes de poner las variables antiguas en función de las nuevas variables o componentes principales (coeficientes factoriales). En el caso de que el coseno o coeficiente de la variable antigua con la nueva sea próximo a la unidad indica que la nueva variable coincide en dirección con la antigua, diciéndose entonces que tiene el sentido físico dado por esta. Estos coeficientes al ser las variables nuevas ortogonales son también coeficientes de correlación.

El ACP extrae tantos CPs como variables antiguas hay, sin embargo, como lo que se trata es de poder explicar la mayor parte de la variación con pocas nuevas variables es necesario saber cuantas variables extraemos. Para ello se ha seguido el criterio de seleccionar aquellas cuyo valor propio (λ) sea mayor que uno ya que si es menor explicaría menos que cualquier

variable antigua, estas al estar tipificadas tienen varianza igual a uno. Una vez seleccionados los CPs y con objeto de tener una mejor interpretación de estos, se ha realizado una rotación ortogonal empleando el método “Varimax” para facilitar la interpretabilidad de los factores. Este método tiende a aplastar los coeficientes pequeños y a hacer crecer los grandes de manera que sus perfiles pueden asociarse más fácilmente a un subconjunto concreto de variables. Estos subconjuntos de variables más involucradas en un CP determinado permiten intuir su significado y peso biológico.

En resumen, esta herramienta estadística nos permite:

1. Poder analizar la asociación entre un alto número de caracteres de una manera más simple y resumida que a través de una matriz de correlaciones.
2. Gráficamente, permite analizar la diversidad existente en nuestro material con pocos CPs y conocer su modelo de distribución. Estudiando los CPs se puede establecer cuáles han sido los caracteres que más han contribuido a la separación mostrada por el eje en cuestión.

El ACP se realizó mediante el software NTSYSpc 2.02g (Applied Biostatistics Inc., NY, EE. UU.). Antes de proceder a aplicar el ACP se seleccionaron aquellas variables que fueron significativas entre variedades según el ANOVA y cuyo CV fue menor de 20%.

5.2. Análisis de la ACG y ACE (NC-II)

En el ensayo de híbridos interespecíficos obtenidos mediante un diseño de cruzamientos North Carolina II (NC-II) (Comstock y Robinson, 1948, 1952) de efectos fijos, se analizó la Aptitud Combinatoria General (ACG) o potencial de cada parental para generar buenos híbridos, así como la Aptitud Combinatoria Específica (ACE) o superioridad de cada combinación de híbridos F1 para cada carácter significativo analizado. A continuación, se muestra la descomposición de cada dato fenotípico en relación a las distintas componentes que intervienen en su valor final.

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + B_k + e_{ijk}$$

Donde,

Y_{ijk} = es el valor fenotípico observado en el cruzamiento entre los parentales i y j, en el bloque k

μ = media general, es el efecto común a todas las observaciones

g_i = efecto de la ACG de la i-ésima madre

g_j = efecto de la ACG del j-ésimo padre

s_{ij} = efecto de la ACE del cruzamiento entre los parentales i y j

B_k = efecto del bloque k

e_{ijk} = efecto del error correspondiente a la observación ijk

Los valores de Aptitud Combinatoria General (ACG) de cada madre (g_i) o padre (g_j) y los de Aptitud Combinatoria Específica (ACE, s_{ij}), se estiman siguiendo la siguiente fórmula (Singh y Chaudhary, 1985):

$$g_i = Y_{i..} - Y_{...t}$$

$$g_j = Y_{.j.} - Y_{...t}$$

$$s_{ij} = Y_{ij} - Y_{i..} - Y_{.j.} + Y_{...t}$$

Donde,

$Y_{i..}$ = Media de las descendencias de la i -ésima madre

$Y_{.j.}$ = Media de las descendencias del j -ésimo padre

$Y_{...t}$ = Media general del ensayo

Y_{ij} = Valor del cruzamiento entre la i -ésima madre y el j -ésimo padre

En primer lugar, se realizó un nuevo ANOVA empleando el procedimiento GLM (Modelo General Lineal) que permite el análisis de modelos lineales usando el método de mínimos cuadrados en diversas estructuras de diseño, balanceadas o no. Con este procedimiento podemos obtener los nuevos componentes genéticos de la varianza, que engloban a los distintos parentales y sus interacciones (**Tabla 11**). Todos los resultados obtenidos del análisis de la aptitud combinatoria fueron calculados con el programa SAS (Statistical Analysis System) (SAS Institute Inc., NC, USA).

Para conocer si los valores estimados de la ACG y ACE son significativamente diferentes de 0, se estimaron sus correspondientes errores estándar (EE) y se aplicó la prueba t de Student con los grados de libertad del error. Los errores estándar fueron estimados de la siguiente forma (Singh y Chaudhary, 1985):

$$EE(g_i) = (CM_e/rp)^{1/2}$$

$$EE(g_j) = (CM_e/rm)^{1/2}$$

$$EE(s_{ij}) = (CM_e/r)^{1/2}$$

Donde,

CM_e = es el cuadrado medio del error del ANOVA.

Para conocer las posibles diferencias significativas entre los valores de ACG, dentro de madre y padre, y los de ACE se obtuvo una tabla mediante mininas diferencias significativas (MDS) con los valores críticos para la comparación a los niveles $p= 5\%$, 1% y $0,1\%$.

Tabla 11. Análisis de la varianza y cuadrado medio esperado (CME) para un diseño North Carolina II (NC-II) de efectos fijos.

Fuentes de variación	Grados de libertad	CME
Repeticiones (r)	(r-1)	
Genotipos (g)	(g-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma_g^2$
Madres (m)	(m-1)	$\sigma_e^2 + rp \frac{1}{m-1} \sum_i g_i^2$
Padres (p)	(p-1)	$\sigma_e^2 + rm \frac{1}{p-1} \sum_j g_j^2$
Madre x Padre	(m-1)(p-1)-1	$\sigma_e^2 + r \frac{1}{(p-1)(m-1)} \sum_i \sum_j s_{ij}^2$
Error	(r-1)(g-1)	σ_e^2
Total	(rg-1)	

Donde,

r= Número de repeticiones

g= Número de genotipos o combinaciones de híbridos F1

m= Número de parentales femeninos o madres

p= Número de parentales masculinos o padres

σ_g^2 = Varianza debida a los genotipos o combinaciones híbridas

σ_e^2 = Varianza debida al error



Resultados y discusión

1. Diversidad molecular de la colección vegetal

Los métodos moleculares utilizados en este análisis genético nos han proporcionado una mejor comprensión de la diversidad genética de esta colección de 48 variedades de algodón, elegida por sus diversos orígenes y potencial fenotípico para futuros fines de mejora en Europa.

Se obtuvo un alto nivel de éxito en la amplificación, pues 62 de los 67 marcadores SSR iniciales (92,54%) mostraron polimorfismos entre las 48 entradas, probablemente debido a la selección de marcadores polimórficos en estudios previos realizados por otros autores (Shen et al., 2005; Bertini et al., 2006; Abdurakmonov et al., 2007; Lacape et al., 2007; Shen et al., 2011; Yu et al., 2012a; Mishra and Fougat, 2013; Mishra et al., 2013; Cai et al., 2014; Elçi et al., 2014). Esto confirma la capacidad de la mayoría de nuestros marcadores para revelar diversidad genética dentro de esta colección de variedades de algodón (Tabla 1). En base a los resultados, con los marcadores empleados se detectaron 464 alelos con un promedio de 7,48 alelos por locus o marcador SSR (rango de 2 a 17). Como se mencionó en material y métodos, estos marcadores fueron elegidos por estar distribuidos por todo el genoma ($n=26$), con un rango de 1 SSR (c.12 y c.22) a 6 SSR (c.19 y c.24) por cromosoma con un promedio de 2,38 marcadores por cromosoma (**ANEXO I**). El valor promedio de PIC para el total de marcadores y entradas de algodón fue 0,70, que varió de 0,3 (NAU2649) a 0,89 (JESPR0152) (**Tabla 12**). Treinta y seis de los 62 marcadores SSR fueron potencialmente informativos ($0,7 < \text{PIC} < 0,9$), 19 SSR fueron altamente informativos ($0,5 < \text{PIC} < 0,7$) y solo 7 marcadores SSR fueron moderadamente informativos ($0,25 < \text{PIC} < 0,50$). Dentro de *G. hirsutum*, el PIC promedio fue de 0,57 y varió de 0 (NAU2649 y BNL3308) a 0,88 (BNL3255). En el grupo de *G. barbadense*, el PIC promedio fue 0,54, variando de 0 (BNL3563, BNL3580, BNL2544, BNL2495, NAU1322 y BNL3590) a 0,83 (BNL3255). La mayoría de los marcadores fueron algo más informativos entre las variedades de *G. hirsutum* probablemente debido al mayor número de entradas estudiadas, con la excepción de 7 marcadores (NAU2649, NAU3770, JESPR0127, BNL3594, CIR0203, MGHES0031, TMB0366), que fueron más informativos en las variedades *G. barbadense* ($\text{PIC} < 0,5$ en *G. hirsutum*). Pero en general, más de la mitad de los marcadores de SSR empleados mostraron altos valores de PIC en ambas especies. Por ejemplo, los marcadores BNL3255 en c.08, BNL3545 en c.02/c.14 y BNL1521 en c.24, tenían valores de PIC muy altos no solo entre *G. hirsutum* (0,88, 0,85 y 0,83, respectivamente) sino también dentro de las variedades *G. barbadense* (0,83, 0,75 y 0,72, respectivamente). Estos marcadores SSR altamente informativos amplificaron entre 11 y 15 alelos en nuestra colección de variedades de algodón.

Tabla 12. Valores PIC (Contenido de Información Polimórfica), número de alelos encontrados en las 48 accesiones, y también se muestra el rango de tamaño de los alelos detectados en las accesiones de *G. hirsutum* y *G. barbadense*, obtenidos a partir de 62 SSR (marcadores microsatélite).

Marcador ^{abc}	48 Variedades		<i>Gossypium hirsutum</i>			<i>Gossypium barbadense</i>		
	PIC	Alelos Totales	PIC	Nº Alelos	Rango (pb)	PIC	Nº Alelos	Rango (pb)
BNL0387 ^b	0,64	7	0,5	3	222-309	0,49	3	237-241
BNL0530 ^{ab}	0,72	6	0,58	5	155-197	0,59	4	153-197
BNL0569 ^b	0,73	8	0,54	4	145-161	0,64	4	149-177
BNL1122 ^a	0,74	6	0,74	4	182-192	0,5	2	182/186
BNL1227 ^b	0,81	14	0,76	12	136-202	0,52	3	176-188
BNL1423 ^c	0,64	5	0,54	3	134-146	0,41	2	134/224
BNL1521 ^{abc}	0,86	15	0,83	13	104-207	0,72	4	107-167
BNL1531 ^b	0,8	11	0,76	6	134-155	0,79	6	134-170
BNL1551 ^{bc}	0,82	10	0,74	6	188-264	0,67	3	188-260
BNL1672 ^c	0,83	10	0,74	7	103-166	0,64	4	99-127
BNL1897 ^{bc}	0,6	5	0,5	2	142/158	0,55	3	142-152
BNL2495 ^{bc}	0,65	4	0,52	3	202-212	0	1	202
BNL2544 ^{bc}	0,43	4	0,12	3	93-233	0	1	221
BNL2570 ^{bc}	0,84	11	0,79	7	239-296	0,68	5	247-296
BNL2572 ^{bc}	0,38	3	0,1	3	252-266	0,18	2	252/266
BNL2921 ^c	0,81	7	0,73	4	158-173	0,5	2	162/175
BNL3090 ^{bc}	0,8	8	0,73	5	227-285	0,54	3	242-305
BNL3255 ^a	0,89	12	0,88	10	223-391	0,83	6	223-391
BNL3257 ^c	0,84	14	0,75	8	147-225	0,75	6	147-207
BNL3308	0,44	4	0	1	212	0,18	2	212/214
BNL3408 ^c	0,82	10	0,72	5	134-187	0,76	5	134-187
BNL3474 ^{ab}	0,67	5	0,51	3	188-205	0,69	4	188-207
BNL3545 ^b	0,86	11	0,85	8	131-233	0,75	5	121-233
BNL3563 ^c	0,45	4	0,07	2	223/243	0	1	259
BNL3580 ^{bc}	0,42	3	0,1	3	215-229	0	1	223
BNL3590	0,75	8	0,68	6	180-205	0	1	191
BNL3594 ^{bc}	0,72	5	0,36	2	198/213	0,63	3	196-215
BNL3992 ^b	0,8	7	0,73	7	135-170	0,55	3	135-164
CIR0105 ^{bc}	0,85	11	0,78	9	94-256	0,7	4	108-242
CIR0165 ^{bc}	0,68	5	0,63	4	224-243	0,55	3	224-245
CIR0169 ^{bc}	0,38	2	0,06	2	152/154	0,2	2	152/154
CIR0203 ^{bc}	0,55	8	0,39	4	268-278	0,66	3	262-274
CIR0246 ^c	0,83	17	0,74	9	136-258	0,74	7	142-231
CIR0413 ^c	0,84	17	0,81	13	95-225	0,57	4	100/130
JESPR0056	0,79	9	0,72	5	136-206	0,75	5	136-200
JESPR0127 ^a	0,69	6	0,32	3	214-233	0,65	3	200/236
JESPR0152 ^c	0,89	12	0,81	7	224-283	0,74	5	195-245

Tabla 12. Continuación.

Marcador ^{abc}	48 Variedades		<i>Gossypium hirsutum</i> (Upland)			<i>Gossypium barbadense</i> (Pima)		
	PIC	Alelos Totales	PIC	Nº Alelos	Rango (pb)	PIC	Nº Alelos	Rango (pb)
JESPR0153 ^{abc}	0,79	11	0,66	8	113-232	0,59	4	113-164
JESPR0208 ^c	0,69	6	0,54	3	105-128	0,75	5	94-132
JESPR0220 ^b	0,69	7	0,63	3	145-178	0,67	4	145-200
JESPR0274 ^b	0,85	13	0,77	6	118-245	0,69	4	122-194
MGHES0031	0,52	4	0,43	4	216-228	0,5	2	216/222
MGHES0055	0,71	4	0,67	3	216-236	0,75	4	216-241
NAU0905 ^a	0,76	9	0,59	3	171-183	0,65	3	168-195
NAU0934 ^a	0,77	7	0,7	5	211-231	0,61	3	211-223
NAU0943 ^a	0,57	5	0,21	2	195/207	0,17	2	164/176
NAU0998 ^a	0,79	6	0,67	4	173-185	0,63	4	173-195
NAU1042 ^a	0,72	5	0,67	5	236-260	0,61	3	236-260
NAU1043 ^a	0,79	7	0,63	4	240-254	0,6	3	167-257
NAU1070 ^a	0,68	5	0,64	5	168-194	0,5	2	178/194
NAU1162 ^a	0,66	4	0,62	3	198-210	0,5	2	198/201
NAU1167 ^a	0,79	7	0,79	7	201-224	0,64	3	201-217
NAU1200 ^a	0,76	6	0,7	4	220-249	0,48	2	204/220
NAU1221 ^a	0,79	8	0,74	4	115-261	0,79	7	115-261
NAU1322 ^a	0,68	4	0,65	4	189-213	0	1	189
NAU2508 ^a	0,55	4	0,54	3	161-174	0,5	2	161/174
NAU2649	0,3	2	0	1	202	0,5	2	202/207
NAU3341	0,66	5	0,51	3	260-270	0,55	3	266-272
NAU3770	0,61	6	0,1	3	181-191	0,71	5	179-193
NAU6634	0,78	6	0,66	4	158-190	0,65	4	167-199
TMB0366	0,64	5	0,48	3	220-235	0,58	3	194-231
TMB0471	0,87	14	0,77	9	212-276	0,73	5	183-221
Media	0,7	7,48	0,57			0,54		

^a Marcadores usados previamente en el estudio de Cai et al., (2014).

^b Marcadores usados previamente en el estudio de Yu et al., (2012a).

^c Marcadores usados previamente en el estudio de Lacape et al., (2007).

Nuestros resultados de valores de PIC para las 48 variedades de algodón fueron comparados con estudios previos. Yu et al., (2012a) obtuvieron un valor promedio de PIC de 0,713 para 25 SSR en 12 genotipos pertenecientes a seis especies del género *Gossypium*, conocidas colectivamente como el panel para las bases de datos de marcadores de algodón [Cotton Marker Database (CMD) panel]. En nuestro estudio, se obtuvo un PIC similar (0,69) en nuestras 48 accesiones (4 especies *Gossypium*) para estos mismos 25 SSR. Resultados similares obtuvimos cuando comparamos otros 25 SSR que también habían sido utilizados previamente por Lacape et al., (2007) en 4 especies tetraploides de algodón. Estos autores obtuvieron un PIC

promedio de de 0,712 y en nuestro estudio, los mismos 25 marcadores mostraron un PIC de 0,70. Por lo tanto, en términos de diversidad entre especies diferentes, nuestros resultados fueron similares a otros estudios previos.

Sin embargo, nuestro valor medio de PIC dentro de *G. hirsutum* (0,57) fue muy alto en comparación con otros estudios de diversidad, donde consiguieron valores de PIC más bajos a pesar de que utilizaran más variedades y marcadores SSR. Por ejemplo, Abdurakhmonov et al., (2008) obtuvieron un valor PIC promedio de 0,122 (287 accesiones y 95 SSR), Tyagi et al., (2014) obtuvieron 0,17 (378 accesiones con 120 SSR), Moiana et al., (2015) obtuvieron 0,361 (20 accesiones con 27 SSR) y Qin et al., (2015) obtuvieron un PIC promedio de 0,3 (241 accesiones y 333 SSR). Para darle explicación a este resultado, seleccionamos 20 de nuestros SSR que fueron utilizados previamente en Cai et al., (2014) y quienes además emplearon sistemas de electroforesis con resolución similar. Estos autores analizaron 99 genotipos *G. hirsutum* y 2 *G. barbadense*, y obtuvieron un PIC promedio de 0,48 para estos mismos 20 SSR mientras que, en nuestro estudio, se obtuvo un PIC promedio más alto de 0,63. Es bien sabido que la mayoría de cultivares actuales *G. hirsutum* tienen ancestros comunes ya que comparten parentales de mejora en sus pedigrees (Meredith, 1998; Boopathi et al., 2011) causando generalmente una baja variabilidad entre la mayoría de los materiales comerciales en todo el mundo. Sin embargo, nuestro mayor PIC promedio dentro de *G. hirsutum* debe estar relacionado con que los diferentes genotipos procedan de diferentes orígenes y compañías de mejora, sugiriendo que nuestra colección de 36 variedades Upland representa una mayor variabilidad. Inesperadamente, se encontró un PIC similar entre las 36 accesiones Upland y la 10 Pima (0,57 y 0,54, respectivamente). Estos resultados sugieren que existe una mayor diversidad en *G. barbadense*, probablemente porque los fondos genéticos de esta especie han sufrido una menor presión de mejora por parte de las distintas casas de semillas de algodón.

El análisis UPGMA basado en la matriz de distancias genéticas (**ANEXO II**) agrupó las 48 variedades de algodón (36 *G. hirsutum*, 10 *G. barbadense*, 1 *G. arboreum* y 1 desconocida) en tres grupos principales (A, B y H) que principalmente comprenderían nuestras 3 diferentes especies analizadas (**Figura 16**). El Grupo A representó a la especie diploide *G. arboreum* (A2-0008) que quedó claramente separado del resto de variedades, encontrando las mayores distancias genéticas del estudio entre A2-0008 y la variedad *G. barbadense* Cima (0,92) y entre A2-0008 y la variedad *G. hirsutum* Massala (0,9); El Grupo B aglutinó a las 10 variedades *G. barbadense* y a la accesión Kibala de genética desconocida procedente de Angola, que quedó separada de las 10 *G. barbadense* por una distancia genética media de 0,56; y finalmente el Grupo H, compuesto por las 36 variedades *G. hirsutum*. Estos mismos resultados quedan confirmados también en el gráfico del análisis de Coordenadas Principales (CP) representado por la 1ª y 2ª CPs que aglutinan el 83% de la variabilidad molecular obtenida con los 62 SSR (**Figura 15**).

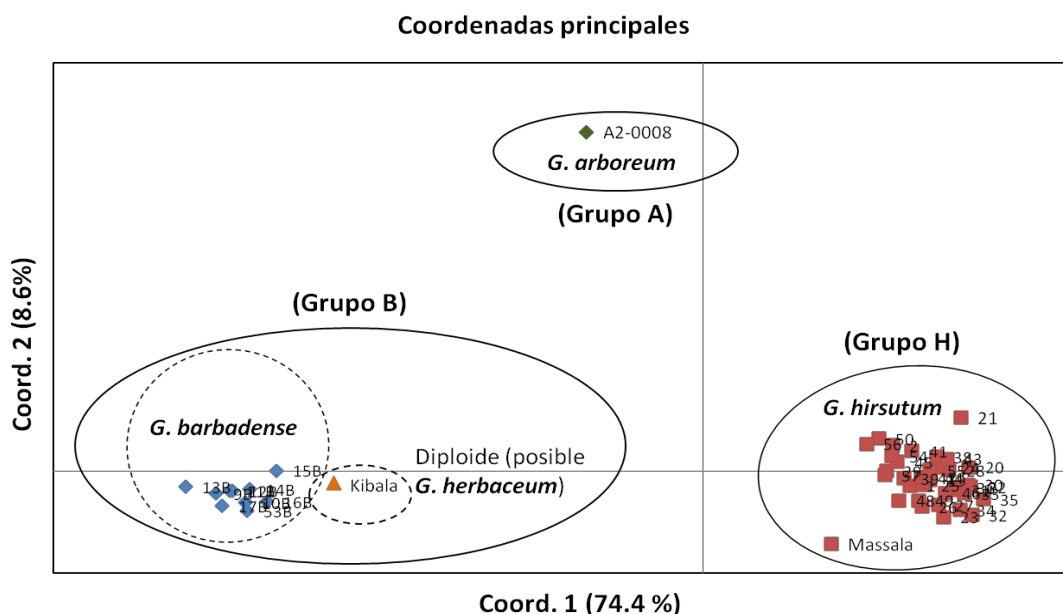


Figura 15. Distribución de la colección de 48 variedades de algodón en función de las 2 componentes principales (83% de la variación total) obtenidas a partir de la información molecular ofrecida por 62 marcadores microsatélite (SSR). Se visualizan claramente 3 Grupos que se corresponden con las diferentes especies de la colección, a excepción del Grupo B que contiene a las variedades *G. barbadense* y a un diploide desconocido (posiblemente *G. herbaceum*).

Según los resultados del análisis de agrupamiento, observamos como dentro del Grupo B, las variedades *G. barbadense* fueron divididas en dos bloques: el subgrupo B-I, que reunió a las variedades procedentes de programas de mejora de la región del Cáucaso, y el subgrupo B-II, compuesto principalmente por variedades mejoradas en EE. UU. (Figura 16). En el subgrupo B-I, encontramos la menor distancia genética de todo el estudio (0,12) entre las variedades Armada y Lanovia. Ambos cultivares poseen morfologías vegetales similares como la estructuras arbustiva y el color y forma de la hoja, aunque cv. Lanovia muestra una mayor precocidad y menor altura. Tan solo 5 SSR (BNL0569, BNL1672, BNL2570, JESPR0152, TMB0471) mostraron polimorfismos entre estas dos variedades.

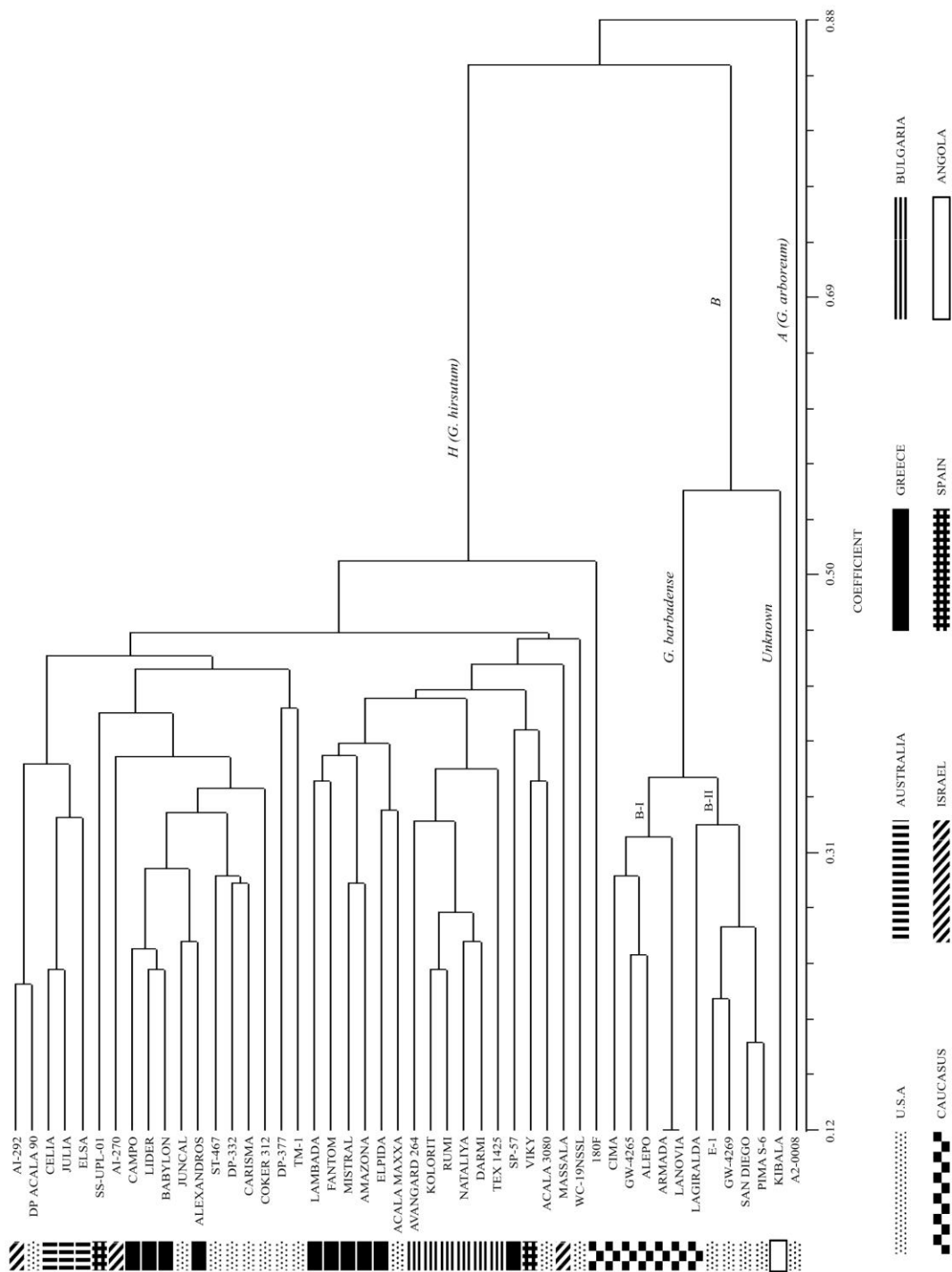


Figura 16. Dendrograma de los 48 genotipos *Gossypium* construido a partir de 62 marcadores SSR y utilizando el algoritmo UPGMA (Figura de Peláez-Andérica et al., 2017).

Paralelamente al análisis de agrupamiento, se realizó un análisis de la ploidía mediante citometría de flujo de la variedad Kibala de genética desconocida, que había resultado agrupada con las variedades *G. barbadense* dentro del Grupo B. Los resultados del citómetro mostraron alrededor de un 30% menos de intensidad de fluorescencia en el pico G0/G1 de Kibala frente a la intensidad obtenida en los alotetraploides Amazona (*G. hirsutum*) y Armada (*G. barbadense*), indicando un diferente y menor contenido de ADN que podría sugerir una naturaleza diploide de Kibala (**Figura 17**). A pesar de sus grandes diferencias fenotípicas con el resto de las variedades de la colección, Kibala produce fibras hilables que es un carácter exclusivo de los diploides con genoma A (*G. arboreum* y *G. herbaceum*) (Applequist et al., 2001). El hecho de que Kibala demostrara ser genéticamente próximo a *G. barbadense*, podría conducir al diploide *G. herbaceum* (A1), que es el ancestro vivo más cercano al genoma A_t del algodón alotetraploide (Paterson et al., 2012). Además, *G. herbaceum* posee alrededor de dos tercios del contenido de ADN tetraploide (Hendrix y Stewart, 2005), similar a lo observado en el análisis de la ploidía. Por tanto, estas distintas reflexiones apuntan a que la variedad Kibala que mostró un menor contenido de ADN haya sido definida como un diploide *G. herbaceum* (A1). Nacoulima et al., (2016) y Kulkarni et al., (2009), discutieron la importancia de las especies diploides para los mejoradores de algodón, especialmente *G. herbaceum* y *G. arboreum*. Sin embargo, haría falta una mayor investigación sobre el potencial genético de estos diploides y el uso de sus genes en la mejora de los tetraploides frente a la sequía, plagas (moscas blancas, trips y áfidos), virus del rizado de las hojas, mayor calidad de fibra (Mergeai, 2006), así como la resolución de problemas de encamado en las variedades *G. barbadense* columnares como Armada y Alepo cuando soportan el gran peso de todas sus cápsulas verdes antes de su apertura y maduración.

Por último, tenemos el Grupo H compuesto por las 36 variedades *G. hirsutum* donde destaca el cultivar 180-F, agrupado en la parte inferior del Grupo H completamente separado del resto de variedades *G. hirsutum* (**Figura 16**). Pese a la alta variabilidad detectada entre nuestras variedades *G. hirsutum*, el resto de accesiones *G. hirsutum* no pudieron separarse claramente en otros subgrupos según su origen. Algunas variedades *G. hirsutum* con el mismo origen de mejora sí que resultaron agrupadas, como las variedades australianas (Celia, Julia y Elsa) y las variedades búlgaras (Avangard 264, Kolorit, Rumi, Nataliya, Darmi y TEX-1425). También se observa una tendencia de agrupamiento de la mayoría de las variedades de origen de mejora americano (ST-467, DP-332, Carisma, Coker 312, DP-377 y TM-1). La distancia genética media dentro de *G. hirsutum* fue 0,43 (**ANEXO II**), que varió desde un máximo de 0,59 entre las variedades Fantom/AI-270 o Fantom/TM-1, hasta un valor mínimo de 0,22 entre DP Acala 90/AI-292. En general los resultados obtenidos respecto a la distribución de las variedades *G. hirsutum* podría deberse al hecho de que la mayoría de los programas de mejora mundiales han utilizado germoplasma similar, como ocurre con la variedad experimental española SS-UPL-01, que proviene de cruces que involucran al cultivar Lider de origen griego (Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U., comunicación personal). Otro ejemplo es el caso de los parentales

“Acala” que son cultivares derivados de individuos de maduración temprana de *G. hirsutum* raza *latifolium* o también llamados “de tierras altas mexicanas” (Mexican Highlands), y que han sido muy utilizados en multitud de hibridaciones intervarietales por la mayoría de programas mundiales de mejora de algodón (Iqbal et al., 2001). En nuestro estudio filogenético se observó cómo el germoplasma de origen Acala (Acala Maxxa, Acala 3080, DP Acala 90, AI-270 y AI-292) no resultó agrupado, ya que probablemente tienen más en común con otros linajes varietales que pudieran haberse desarrollado a partir de ellos que entre diferentes germoplasmas Acala.

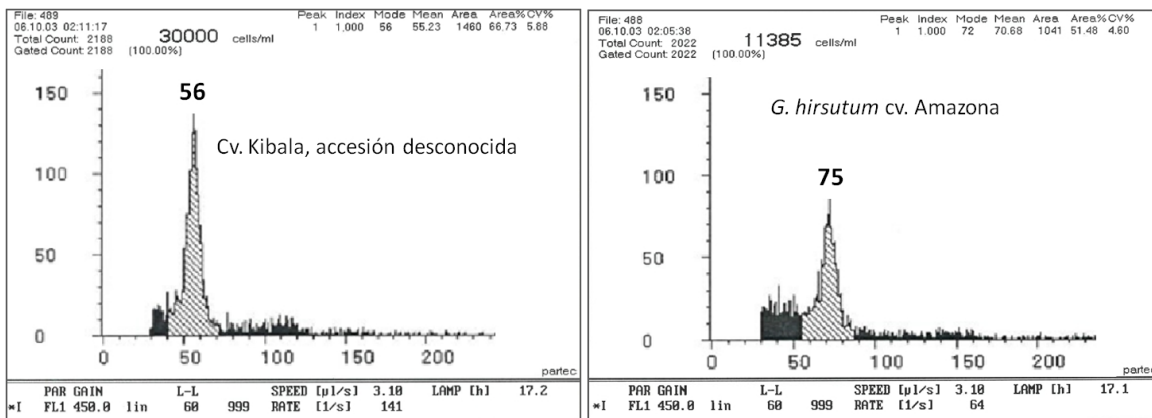


Figura 17. Valores de intensidad de fluorescencia obtenidos mediante citometría de flujo. El análisis de la ploidía muestra como la accesión desconocida (cv. Kibala) posee un pico G0/G1 de intensidad un tercio menor aproximadamente respecto a la variedad tetraploide Amazona (*G. hirsutum*).

Para mitigar esta baja variabilidad dentro de los materiales de mejora del algodón Upland comercial, han sido ampliamente empleadas las introgresiones genéticas de otras especies *Gossypium* como se refleja en nuestros resultados filogenéticos. En primer lugar, encontramos el cv. 108-F en la parte inferior del bloque H separado del resto (**Figura 16**). Esta variedad fue desarrollada por L. Rumshevich en 1940 y fue ampliamente cultivada durante la década de 1960 en Uzbekistán (74% del área de cultivo de algodón), Tayikistán o Turkmenistán. El cv. 108-F fue mejorado a partir de *G. hirsutum* spp. *mexicanum* var. *nervosum* (Galicinsky et al., 1962) y podría ser la razón de su mayor distancia genética con el resto de las variedades *G. hirsutum*. Por otro lado, también existen algunos casos de introgresiones de genes *G. barbadense* en nuestra colección *G. hirsutum*. Un ejemplo es el material de mejora WC-19NSSL, agrupado lejos de las otras variedades *G. hirsutum* del grupo H (**Figura 16**). A este genotipo se le denomina comúnmente tipo Okra debido a la forma de sus hojas (**Figura 8** y **Figura 20**). Esta morfología foliar se debe a la introgresión de una mutación semi-dominante (L_2^0) que podría provenir de *G. barbadense* y que altera la forma de la hoja al aumentar la longitud de los lóbulos

y disminuir la expansión de la lámina (Dolan y Poethig, 1998). Otro ejemplo es el cv. Massala, que mostró la menor distancia genética media de 0,75 con las variedades *G. barbadense* (ANEXO II). La razón más probable es que el cv. Massala tenga genes de *G. barbadense* que podrían haber restaurado su fertilidad, ya que su origen fueron selecciones manuales de plantas fértiles fuera de tipo dentro de los bloques de parentales androestériles de campos de multiplicación de híbridos interespecíficos H × B (Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U., comunicación personal). Otros materiales comerciales *G. hirsutum* de la colección estudiada también poseen introgresiones de *G. barbadense*, como las 5 variedades búlgaras Avangard 264, Kolorit, Rumi, Nataliya y Darmi, en cuyos pedigríes es bien conocida la utilización de cruzamientos entre *G. hirsutum* y líneas puras procedentes de *G. hirsutum* × *G. barbadense* (Stoilova, 2011; Stoilova et al., 2014). Por último, podría ser que algunas variedades griegas tuvieran algún origen *G. barbadense*, como el cv. Fantom con su estructura de porte columnar y gran longitud de fibra (Stoilova, 2013) o el cv. Amazona y cv. Elpida, que poseen una calidad de fibra muy alta similar a las variedades *G. barbadense* (Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U., comunicación personal). Otros estudios de diversidad sobre variedades *G. hirsutum* obtuvieron valores de distancia genética más bajos en comparación con nuestro valor de 0,43. Por ejemplo, Bertini et al., (2006) obtuvieron 0,40, utilizando también el método UPGMA, pero empleando el análisis Tocher para el cálculo de la distancia genética. Tyagi et al., (2014) obtuvieron 0,195 utilizando el método de agrupamiento Neighbor Joining y las distancias de Nei's, y Moiana et al., (2015) obtuvieron 0,378 utilizando también el método Neighbor Joining, pero las distancias de C.S. Chord. En consecuencia, la presencia de variedades con introgresión de germoplasma *G. barbadense* y provenientes de diferentes países, podría explicar la alta diversidad encontrada en nuestra colección de algodón Upland.

2. Caracterización fenotípica de la colección de variedades

El verano de 2015, en el que tuvo lugar el ensayo de caracterización fenotípica de las 48 variedades elegidas, resultó en una de las campañas algodoneras más afectada por las temperaturas extremas y una gran presión de plagas. En la **Tabla 13** quedan resumidas las distintas variables climáticas registradas en el entorno de Los Palacios y Villafranca (Sevilla), y cabe destacar la reducida precipitación acumulada de 292 mm anuales, siendo llamativa la falta de agua en el mes de mayo y abril. En los días 7-9 de agosto se alcanzaron las mayores temperaturas mínimas (23-23,9°C) y medias (28,8°C) anuales, mientras que la mayor temperatura máxima anual de 39,2°C fue registrada en el mes de mayo que fue en general especialmente caluroso y favoreció el desarrollo de las plántulas del ensayo en sus primeros estadios. De hecho, a lo largo del verano de 2015, más de 46 días registraron temperaturas medias superiores a los 25°C lo que favoreció la aceleración del crecimiento y desarrollo del algodón.

Tabla 13. Medias climáticas mensuales del año 2015: Temperatura Máxima, Mínima y Media, así como la Humedad Relativa y Precipitación. Datos procedentes de la estación agroclimática Centro IFAPA Los Palacios y Villafranca (Sevilla).

Mes	Tª Max.	Tª Min.	Tª Media	HR Media	Precipitación
Enero	16	4,1	9,3	80,1	62
Febrero	16,4	4,8	10,3	75,5	11,6
Marzo	20,6	7,2	13,3	69,4	59,4
Abril	24,3	11,6	17,6	68	15,4
Mayo	30,2	14	21,8	54,7	0
Junio	30,2	16,3	23,2	59,8	0
Julio	33,8	18,7	25,8	61,5	0
Agosto	32	18,5	24,5	67,1	0,4
Septiembre	28,3	15	21	71,8	11,2
Octubre	24,3	14,8	18,8	84	68
Noviembre	22,2	8,6	14,4	78,4	46,6
Diciembre	20,1	7,2	12,5	80,7	17,4
Total	-	-	-	-	292

Pese a los registros de las estaciones climáticas, las sensaciones térmicas de las plantas a pleno día son mucho mayores, especialmente cuando se suma la humedad debida a los riegos. Estas temperaturas en torno a 40°C suponen un estrés para el algodón que ya de por sí es un cultivo muy tolerante, y tienden a producir parones vegetativos y abortos florales o abscisiones en las posiciones fructíferas de las ramas simpodiales o fructíferas del algodón. A estas adversas condiciones climáticas y el estrés bióticos de las plagas, se le sumó la tardía fecha de las distintas dosis de riego aplicadas en el ensayo (**Figura 18**). Esto se debió a que la variedad comercial sembrada por el agricultor en el resto de su parcela correspondía con una variedad de

ciclo medio-largo que tolera mayor espacio entre riegos. Esta situación de necesidades hídricas distintas dentro del ensayo, llevó varias veces a muchas variedades ante fuertes situaciones de estrés hídrico a lo largo del ciclo del cultivo y se observó que tras los riegos (4-6 días tardíos) las plantas eliminaban muchas yemas florales y frutos inmaduros. Esta abscisión masiva de órganos fructíferos es muy habitual en algodón pues le permite formar nuevos frutos tras el riego con mayor probabilidad de éxito gracias a la regulación que posee de su larga floración. Estos datos son especialmente relevantes ya que la mayoría de estas pérdidas de frutos ocurrieron en las ramas fructíferas de los nudos 9 y 14 (que son los que concentran la producción de fibra) y en la primera y segunda posición fructífera, que son las que aglutinan el 66-75% y el 18-21% del rendimiento total de la planta respectivamente (Jenkins et al., 1990). Debido a estos motivos, las variedades de ciclos cortos y súper cortos como Amazona y Elpida respectivamente, que son las que antes necesitan los riegos, vieron su potencial productivo especialmente afectado. Por tanto, las comparaciones e interpretaciones de este ensayo se harán teniendo en cuenta las condiciones de estrés hídrico acontecidas. Además, los suelos de la zona y concretamente la parcela del ensayo, han presentado previamente algunas incidencias por *Verticillium* y en este ensayo de diversidad, las variedades más susceptibles mostraron claros síntomas de daño vascular.

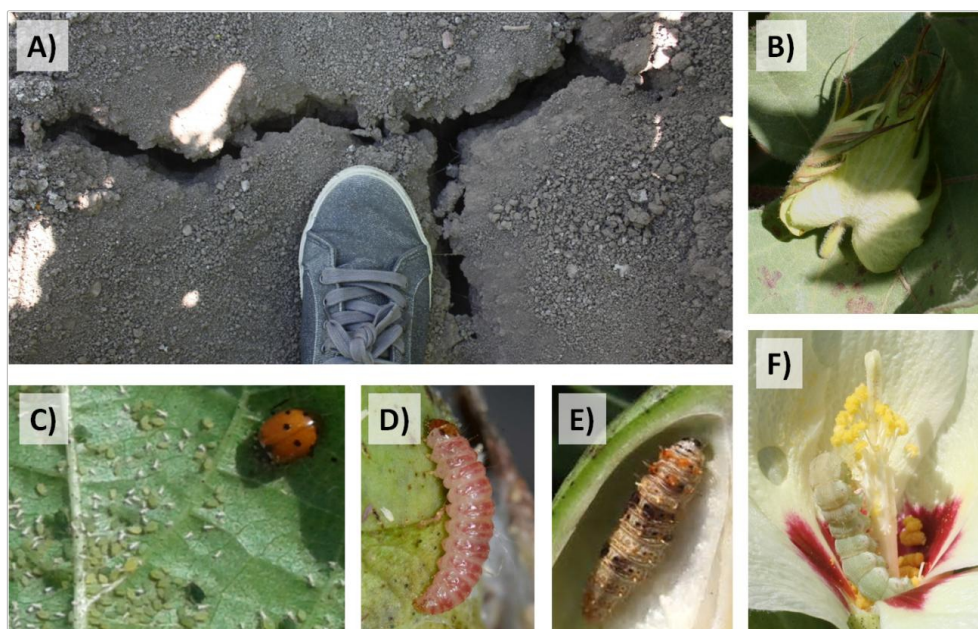


Figura 18. Incidentes en campo del ensayo de diversidad. A) Grietas de más de 3cm de ancho y 25cm de profundidad, típicas en los suelos arcillosos y expansivos por la falta de agua que además dañan las raíces de las plantas; B) Abscisiones de frutos comunes en algodón debido a la regulación de su floración frente a episodios de déficit hídrico y/o altas temperaturas; C) Plagas de pulgón y mosca blanca; D) Plaga de gusano rosado; E) Plagas de *Earias*; F) Plaga de *Heliothis* alimentándose de anteras y pistilo.

Este panorama agronómico adverso de 2015 terminó afectando también a algunos lotes de semillas antiguas y/o con mala viabilidad, cuya germinación fue insuficiente o nula. Por tanto, de las 48 variedades elegidas para este estudio de Tesis Doctoral, sólo pudimos analizar datos morfológicos y productivos de 46 variedades y datos de calidad de fibra de 43 variedades. Las medias y comparaciones de medias ($p < 0,01$) de todos los caracteres para cada genotipo quedan recogidas en el **ANEXO III**. Puesto que son análisis de un único ensayo de caracterización, los resultados se tomarán como orientativos a la hora de describir el comportamiento de una determinada variedad.

2.1. Caracterización morfológica y productiva

Se ha observado una importante variabilidad para todos los caracteres estudiados en la colección de 46 genotipos (35 *G. hirsutum*, 9 *G. barbadense*, 1 *G. arboreum* y 1 accesión de genética desconocida). Como reflejan los resultados obtenidos en el ANOVA (**Tabla 14**), los 9 caracteres morfológicos y los 7 parámetros productivos mostraron diferencias significativas entre genotipos ($P \leq 0,001$).

La mayoría de estos caracteres mostraron además un coeficiente de variación (C.V.) menor del 17%, lo que indica que el error experimental es aceptable. Tan sólo los valores de Ramas Vegetativas (RV), Nº frutos/rama vegetativa (RVF) y Cápsulas Abiertas (CA) mostraron valores de C.V. muy altos por encima del 44,6% posiblemente debido a la gran cantidad de datos con valor 0 dentro y entre genotipos, que favorecieron medias generales muy bajas (RV=2,6, RVF=1,7 y CA=0,7). Así mismo, las heredabilidades en sentido amplio fueron en general muy elevadas, superiores a 0,70 en el grupo de *G. hirsutum* y de *G. barbadense* (**Tabla 14**).

Caracteres Morfológicos

La mayoría de los caracteres evaluados son el reflejo de algunas de las cualidades que mejor definen la adaptación del algodón a unas determinadas condiciones de cultivo. Las más relevantes son el vigor, la precocidad o la arquitectura espacial de la planta. Sin embargo, otras características adicionales como tipo y color de hoja o la pubescencia que no formaban parte del estudio genético y estadístico, han sido observadas como rasgos particulares de algunas variedades como se muestran en las **Figuras 19** y **Figura 20**. A simple vista las diferencias morfológicas son más palpables entre las variedades Pima (**Figura 19**) que entre las Upland, donde sólo sobresalen visualmente 3 variedades: Fantom por su altura y forma columnar, la variedad silvestre TEX-1425 por su débil porte, frutos pequeños y hojas delgadas de color claro, y la variedad WC-19NSSL por su hoja tipo Okra (**Figura 20**).

Tabla 14. Resultados del ANOVA entre los 46 genotipos de algodón con 3 repeticiones para 16 caracteres morfológicos y productivos, evaluados en 2015 a los 126 días desde la siembra. También se muestra la heredabilidad en sentido amplio (H^2) dentro de las especies *G. hirsutum* ($n= 35$) y *G. barbadense* ($n= 9$).

Caracteres ^a	Cuadrados Medios			C.V.	H2	
	Genotipo (g.l.=45)	Bloque (g.l.=2)	Error (g.l.=90)		<i>G. hirsutum</i> (Upland)	<i>G. barbadense</i> (Pima)
<i>Morfológicos</i>						
AT	1245,72 ***	60,42	3,26	1,7	0,99	0,92
ATop5	1,38 ***	0,41	0,05	6,4	0,87	0,93
NT	22,30 ***	1,59	1,13	4,7	0,88	0,74
HNR	1,67 ***	0,17	0,05	4,7	0,84	0,87
RF	46,30 ***	1,09	0,44	4,7	0,96	0,93
N1RF	13,86 ***	0,90	0,31	8,1	0,91	0,90
RV	21,11 ***	4,01	1,24	44,6	0,73	0,86
RVF	10,27 ***	0,82	0,92	56,5	0,76	0,82
ENC	3,97 ***	0,53	0,13	17,1	0,90	0,86
<i>Productivos</i>						
FL	128,35 ***	24,73	1,88	16,9	0,97	0,92
CV	224,59 ***	37,91	3,17	11,9	0,97	0,83
CA	4,30 ***	0,96	0,25	70,8	0,87	0,47
AB	152,73 ***	74,12	5,90	16,1	0,86	0,55
FruTot	401,38 ***	19,40	5,32	9,7	0,97	0,82
RET	672,10 ***	57,28	21,13	7,8	0,88	0,76
GOT	67,43 ***	0,99	0,11	0,9	0,99	0,91

*, ** y *** nivel de significación para $P \leq 0,05$, $P \leq 0,01$ y $P \leq 0,001$, respectivamente.

NS= no significativo.

g.l.= grados de libertad

^a AT: Altura de planta (cm), ATop5: Distancia media de los últimos 5 entrenudos apicales (cm), NT: Número total de nudos vegetativos, HNR: Distancia media de los entrenudos (cm), RF: Número ramas fructíferas, N1RF: Nudo de la primera rama fructífera, RV: Número de ramas vegetativas, RVF: N° frutos en ramas vegetativas, ENC: Encamado (1-5), FL: Número de flores, CV: Número de cápsulas verdes, CA: Número de cápsulas abiertas, AB: Número de abscisiones, FruTot: Frutos totales, RET: Porcentaje de retención de frutos (%), GOT: % Fibra o Ginning Out-Turn (%).

C.V.: Coeficiente de variación (%).

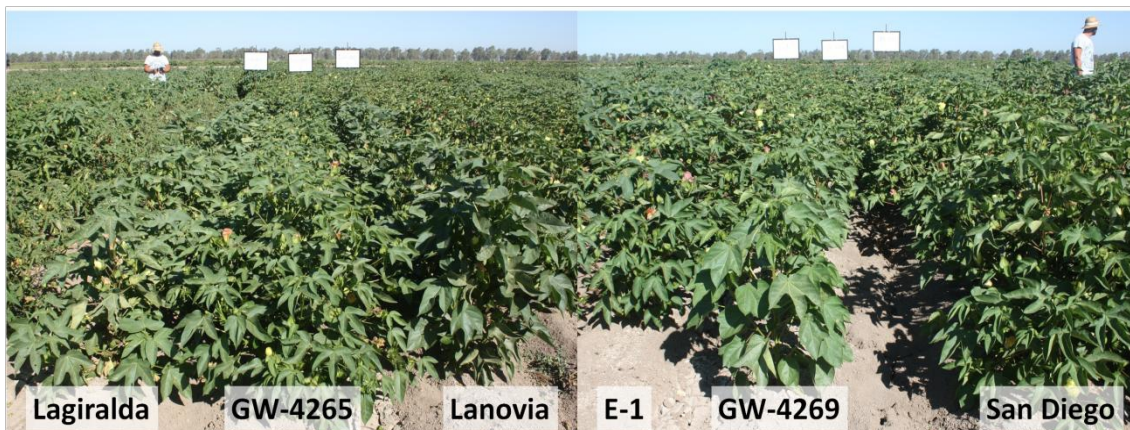


Figura 19. Comparativa morfológica de 6 de las 9 variedades *G. barbadense* estudiadas. Pueden apreciarse distintas tonalidades de verde, distintas alturas, distintas formas de las hojas, porte compacto o laxo, y el vigor de la variedad San Diego en comparación con las demás. Estas diferencias fenotípicas dentro de *G. barbadense*, resultaron más llamativas que en las variedades *G. hirsutum*.

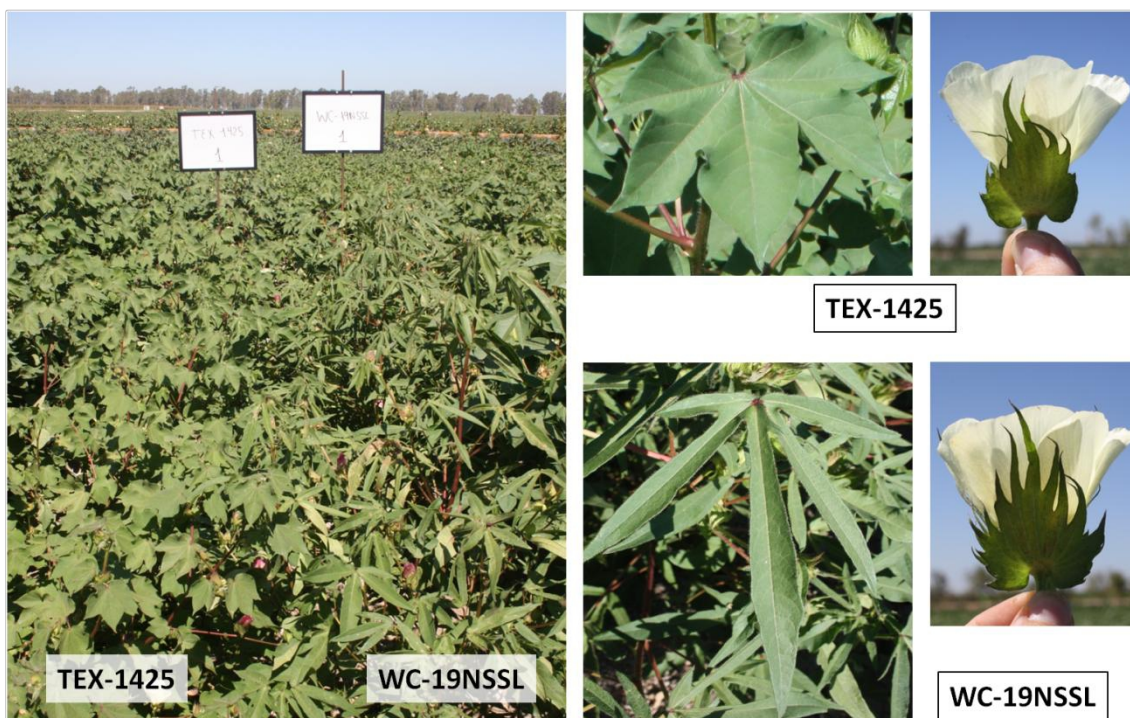


Figura 20. Detalles morfológicos del material silvestre TEX-1425 y la línea de mejora WC-19NSSL (ambos *G. hirsutum*). Pueden observarse las hojas de lámina fina y frutos pequeños de TEX-1425, y las características hojas tipo Okra de la variedad WC-19NSSL.

El vigor del desarrollo vegetativo en algodón depende en gran medida de la genética de cada variedad y del manejo de las dosis de agua y nitrógeno, esto último es determinante ya que una inadecuada actuación puede provocar abscisiones de flores y frutos, rebrotes basales excesivos (ramas vegetativas), tallos finos y débiles con peligro de encamado en la fase de mayor carga de frutos verdes y pesados (cápsulas verdes), etc. Desde el punto de vista agronómico un exceso de vigor sería contraproducente. Una forma de apreciar el exceso de vigor de una variedad es mediante el **número de ramas vegetativas (RV)** y de **frutos/rama vegetativa (RVF)**. En nuestro estudio ambos parámetros fueron altamente significativos con muchas variedades con 0 ramas vegetativas y otras con hasta 14, mostrando una gran variabilidad en el carácter. Por lo general, las ramas vegetativas no son deseables en los cultivos comerciales porque no suelen producir frutos, y si lo hacen suelen ser pequeños y por tanto las variedades desarrolladas recientemente suelen estar mejoradas para reducir su número (Jenkins et al., 1990). Además, estas ramas producidas normalmente por un exceso de vigor son problemáticas para su recolección mecanizada al encontrarse demasiado cerca del suelo. En este punto debemos destacar el fenotipo mostrado por el cultivar Kibala procedente de Angola (diploide, probablemente *G. herbaceum*) cuyo desarrollo fue totalmente vegetativo sin formar ningún órgano fructífero por su insensibilidad al fotoperiodo. Su morfología de múltiples ramas vegetativas y muy ramificadas desde el tallo principal resultó en un porte vigoroso y arbóreo (**Figura 21**). Esto hace que Kibala sea significativamente distinta de las demás variedades ($p<0,01$) con el valor máximo de 14 RV de los 23,7 nudos potenciales del tallo principal y que por supuesto no portan frutos (RVF=0) (**ANEXO III**).



Figura 21. Detalles de la morfología singular del cultivar Kibala en Octubre 2015. A) Grandes diferencias en el estadio de desarrollo entre Kibala y las variedades Upland que la rodean llenas de cápsulas abiertas (CA) y en avanzado estado de senectud de las hojas; B) Tallo principal de Kibala eclipsado por las numerosas y vigorosas ramas vegetativas que abarcan desde el nudo 1 hasta el 14.

Respecto al resto de entradas, los cultivares de *G. hirsutum* Julia y Coker 312 fueron los de mayor número de ramas vegetativas con 6 y 6,7 RV y 4,8 y 5 frutos por rama (RVF), respectivamente. Este comportamiento podría ser explicado por su baja tasa de germinación que dio lugar a un bajo número de plantas por repetición lo que pudo potenciar el vigor de estas variedades por la falta de competencia dentro del bloque. Por último, cabe destacar el vigor natural del cultivar 108F que podría clasificarse como de ciclo muy largo y que mostró significativamente más frutos por rama vegetativa que ningún otro genotipo (RVF=7,8). En el otro extremo, encontramos 17 variedades con menos de 1 RV de media que suelen ser pequeños rebrotes sin frutos tras un riego copioso. En este grupo encontramos tanto variedades Upland como Pima, y esto revela que no se hayan encontrado diferencias significativas entre ambas especies para estos dos caracteres (**Tabla 15**). La variedad A2-0008 (*G. arboreum*) mostró también un alto vigor con sus 5,7 RV y 2,8 RVF.

Tabla 15. Comparación de medias entre las especies *G. hirsutum* (n= 35) y *G. barbadense* (n= 9) de los 9 datos morfológicos evaluados en 2015 a los 126 días desde la siembra. Se usó el método LSD para la separación de medias en grupos homogéneos ($p<0,01$).

	AT ^a	ATop5	NT	HNR	RF	N1RF	RV	RVF	ENC
<i>G. hirsutum</i> (Upland)	107,3b	3,6b	22,0a	4,9b	13,9a	7,4b	2,4a	1,9a	1,8a
<i>G. barbadense</i> (Pima)	92,5a	3,0a	23,1a	4,0a	15,6a	6,1a	1,5a	1,2a	2,9b
R ² (%)	8,3	14,1	2,6	20,9	3	5,9	2	1,8	14,7

^aAT: Altura de planta (cm), ATop5: Distancia media de los últimos 5 entrenudos apicales (cm), NT: Número total de nudos vegetativos, HNR: Distancia media de los entrenudos (cm), RF: Número ramas fructíferas, N1RF: Nudo de la primera rama fructífera, RV: Número de ramas vegetativas, RVF: Nº frutos en ramas vegetativas, ENC: Encamado (1-5).

R²: Coeficiente de determinación (%).

Otro de los parámetros morfológicos relacionados con el vigor es la **altura de la planta** (AT) que resultó ser altamente heredable dentro de *G. hirsutum* ($H^2=0,99$) y de *G. barbadense* ($H^2=0,92$) (**Tabla 14**). Pese a que la altura sea un carácter altamente heredable, se sabe que puede depender también de la temperatura, la densidad de siembra, el riego o la presión de las plagas. Por lo tanto, esa alta heredabilidad nos indica que, a pesar de las condiciones extremas en que se desarrolló el ensayo, el ambiente fue bastante homogéneo en toda la parcela. Dentro de la colección de 46 variedades analizadas, Kibala con una altura de 171,3cm fue significativamente superior a las demás (**Figura 21**), seguida por Fantom con 155,7cm, TEX-1425 con 144,7cm (pero tallos débiles y combados) y AI-292 con 142,7cm. En el extremo opuesto, encontraríamos a Avangard 264 con 73cm significativamente inferior a las demás variedades debido a su afectación por la alta susceptibilidad a la verticilosis, seguida por Lanovia (81,3 cm) y DP-377 (81,6 cm). En este punto cabe destacar además de la gran altura de Fantom, la

agrupación compacta de los frutos en las cortas ramas fructíferas junto a una pubescencia moderada de todas las partes de la planta (**Figura 22**). Esta arquitectura vegetal de Fantom de aspecto columnar es única entre todas las variedades de *G. hirsutum* del ensayo, ya que resulta más propia de las variedades *G. barbadense* como Alepo y en menor medida Armada. Como ya se ha mencionado anteriormente es posible que esta variedad contenga introgresiones de *G. barbadense*. En la **Tabla 15**, podemos observar como la especie *G. hirsutum* posee de media una mayor y significativa altura (107,3cm) respecto de *G. barbadense* (92,5cm) aunque el coeficiente de determinación ($R^2=8,3\%$) no es muy elevando, indicando que estas diferencias explican muy poco de la variación total detectada en la colección de 46 variedades.

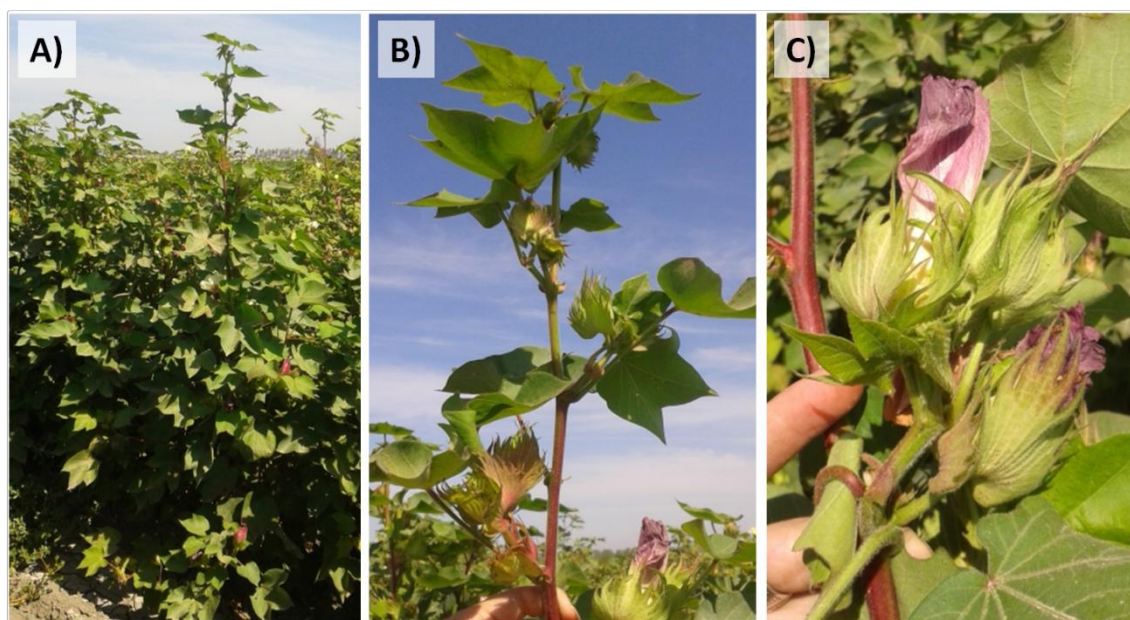


Figura 22. Detalles de la variedad Fantom (*G. hirsutum*). A) La mayor altura de todas las variedades Upland (155,7cm); B) Ramas fructíferas muy cortas de apenas 5-8 cm y C) Frutos muy agrupados y compactos.

Uno de los principales parámetros para medir la armonía o descompensación del desarrollo vegetal, es cuantificar la **distancia media de los últimos 5 nudos** formados (ATop5). En algodón es muy habitual encontrar desequilibrios entre el crecimiento vegetativo y el fructífero, pues es muy sensible a los cambios medioambientales. Estos últimos 5 nudos manifiestan rápidamente dichas anomalías por estar más cerca de la zona activa de crecimiento (la yema apical). A partir de los 50 y 80 días tras la emergencia, coincidiendo con la emergencia de los primeros botones florales, el incremento diario de la altura de la planta es constante siguiendo un crecimiento lineal, y es cuando mejor se observan los desbalances fisiológicos en el

desarrollo vegetal. Una detección precoz de posibles anomalías es esencial para una rápida corrección optimizando riegos, fertilización y principalmente empleando reguladores de crecimiento que permiten modular la floración indeterminada del algodón. El valor ATop5 fue analizado en la colección de 46 variedades para evaluar el vigor a los 126 días de ciclo fenológico cuando la mayoría de las variedades se encontraban en una fase tardía de la floración. Tras analizar los resultados, contabilizamos 20 entradas de las 46 con un ATop5 de 3,5 a 4,5cm considerado normal para el momento fenológico de la evaluación (**ANEXO III**). Sin embargo, el resto mostraron un ATop5 < 3,5cm sugiriendo que las plantas se encontraban prematuramente llegando al final de su crecimiento denominado “cut-out”, en el que dejan de producir fotoasimilados y se traduce en un parón en el desarrollo tanto de órganos fructíferos como vegetativos. Esta situación provoca pérdidas de rendimiento al no aprovecharse el potencial productivo de la variedad. Por tanto, nuestras 26 variedades con valores de ATop5 < 3,5cm están señalando que no van a producir más nudos fructíferos, y que han llegado a la máxima retención de frutos posible en las condiciones ambientales en que se desarrolló el ensayo, posiblemente debido a los periodos de estrés hídrico acumulados que tienden a acortar los entrenudos. En este grupo cabe destacar la variedad Lanovia (Pima) que con sus 1,53cm de ATop5 es significativamente inferior a todas las demás. Y en extremo opuesto tenemos a AI-270 (Upland) que mostró un valor ATop5 de 5,47cm, significativamente superior a todas las demás variedades, recalando el excesivo vigor de esta variedad con las condiciones agronómicas del ensayo. Estos resultados demuestran que hay diferencias genotípicas respecto al comportamiento de estas entradas bajo las condiciones ambientales ya descritas. Dentro de las variedades *G. barbadense*, el ATop5 mostró un alto valor de su heredabilidad ($H^2=0,93$) (**Tabla 14**). Se detectaron diferencias significativas entre *G. hirsutum* (3.6 cm) y *G. barbadense* (3,0 cm) explicando estas diferencias un 14,1 % de la variación total de la colección para este carácter (**Tabla 15**).

Los **nudos totales de la planta** (NT) también son utilizados para cuantificar el vigor de la variedad al ser un carácter genético directamente relacionado con el ciclo de la planta (variedades de ciclo más largos tienen más nudos, y viceversa). En este caso no se han encontrado diferencias significativas entre las variedades Upland y Pima (**Tabla 15**). El rango de valores en la colección de 46 variedades iría desde los 16,3 nudos de Avangard 264, hasta los 28,3 nudos de AI-292 y 28 nudos de TEX-1425 (**ANEXO III**). El número de nudos es importante porque está directamente relacionado con el número de ramas fructíferas (RF) y en este estudio se obtuvo una correlación de $r=0,72$ ($p<0,001$) entre ambas medidas (**ANEXO IV**). Dicho esto, parece claro que, a mayor número de ramas fructíferas, la planta podrá aportar mayor número de frutos en 1ª y 2ª posición dentro de cada rama, que son las posiciones con mayor peso en el rendimiento total de la planta (Jenkins et al., 1990). Esto hace que las correlaciones entre NT y RF con FruTot sean positivas y muy altas ($r=0,75$ y $r=0,7$, respectivamente con significaciones de $p<0,001$) (**ANEXO IV**). Además, el RF ha mostrado ser un carácter de alta heredabilidad con $H^2=0,96$ en Upland y $H^2=0,93$ en Pima. Dejando a un lado Kibala que no generó ninguna RF, le

siguen a continuación Nataliya y Massala con 8,3 RF por igual. En el extremo opuesto, tenemos a TEX-1425 con 22,3 RF significativamente distinta y superior al resto, seguida de Armada (Pima), Fantom, Rumi y Darmi con RF=20,3-20,7 que quedan agrupadas juntas como 2º bloque de mayor RF (Anexo III). En este caso no se han detectado diferencias significativas entre Upland y Pima respecto al número de ramas fructíferas (**Tabla 15**).

Una vez se ha evaluado la altura de la planta y el número de nudos, se obtiene la **distancia media de los entrenudos** (HNR) que está lógicamente correlacionada con los dos caracteres anteriores. El valor de HNR es más o menos constante en cada variedad y depende en gran medida de su vigor, su desarrollo fisiológico normal y del momento del ciclo en el que se realiza la toma de datos. En el caso de este estudio (126 días tras la siembra) y para las condiciones climáticas andaluzas, se considera un crecimiento adecuado si la distancia media de los entrenudos se encuentra en torno a 4 y 5,5 cm, puesto que más de 5,5 cm se interpreta como un crecimiento acelerado de la variedad en esas condiciones y menos de 4 cm sugiere una gran falta de vigor. Por lo que hemos observado en este estudio (**Tabla 15**), se han encontrado diferencias significativas entre las especies Upland (HNR=4,9) y Pima (HNR=4), con el coeficiente de determinación más alto de todos los caracteres morfológicos ($R^2=20,9\%$). Este resultado sugiere que las variedades Pima (especialmente en las variedades columnares), poseen valores bajos de HNR más por una característica de especie que por una falta de vigor. Por ello 4 de las 6 variedades con menos HNR son *G. barbadense*: GW-4265 (HNR=3,5), Lanovia (HNR=3,6), Armada, Lagiralda y A2-0008 con HNR=3,8 y Darmi con HNR=3,9. Por tanto, las diferencias de HNR entre estas dos especies explican una parte importante de la variabilidad encontrada para este carácter en la colección de 46 variedades. Además, cabe destacar que los valores medios de HNR podrían haber resultado algo menores de lo esperado, debido a un claro acortamiento de los entrenudos centrales de casi todas las variedades debido a un periodo de estrés por falta de agua ocurrido en torno al 22 de julio. El retraso puntual de 7 días en el riego, provocó que los entrenudos en formación desde la yema apical (en torno al nudo 13 y 18) no se elongaran más de unos 2-3 cm y generalmente sin producir ramas fructíferas. Este desequilibrio entre el desarrollo vegetativo y fructífero es muy habitual en algodón cuando existen factores adversos y por ello es de suma importancia para conseguir el máximo rendimiento, que el manejo agronómico del cultivo sea óptimo. En este estudio (**ANEXO III**) encontramos 5 variedades (Kibala, Fantom, Campo, 108F y Carisma) con valores por encima de 5,5 cm y por tanto muestran un excesivo vigor, siendo Kibala (*G. herbaceum*) significativamente superior al resto de variedades con HNR=7,2cm. Las otras 4 son variedades Upland con altos HNR que poseen ciclos largos y/o mucha altura, pero en el caso de la variedad Campo, los motivos de sus largos entrenudos podrían ser otros. Su excesivo vigor, podría deberse a unas condiciones de cultivo demasiado óptimas, ya que esta variedad griega ha sido mejorada para su cultivo en condiciones de no irrigación (secano) (Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U., comunicación personal) y el exceso de riego y nitrógeno podría haber provocado una elongación mayor.

Otro carácter morfológico relacionado también con un exceso de vigor sería el **encamado** (ENC) o pandeo del tallo principal. Es un fenómeno mucho más apreciable en las variedades columnares de la especie *G. barbadense*, pues al cargarse de cápsulas verdes, aumentan el peso aéreo y tienden a curvarse aleatoriamente hacia lados distintos del surco, visualizándose la línea de plantas con un aspecto de “espina de pescado”. Posteriormente, cuando las cápsulas maduran y aflora la fibra, pierden parte de su peso y el encamado se suele corregir un poco. En las variedades *G. hirsutum* es mucho menos común pero también puede ocurrir que debido a una competencia por la luz en siembras de mucha densidad y/o con abonados nitrogenados excesivos se produzca un mayor ahilamiento del tallo que pueda derivar en un pandeo o encamado cuando esté cargado de frutos. Aún así en la **Tabla 15**, puede apreciarse como las variedades *G. barbadense* poseen un encamado significativamente mayor que las *G. hirsutum* (2,9 frente a 1,8 respectivamente) y un coeficiente de determinación moderado de $R^2=14,7\%$ que apunta a que estas diferencias entre estas dos especies explican una buena parte de la variabilidad del carácter en la colección de 46 variedades. Cabe destacar a las variedades Avangard 264 y Alepo con los mayores valores de encamado (ENC=4,7). Alepo (Pima) es la variedad tradicionalmente conocida por sus altos índices de encamado, pero en el caso de Avangard 264, ha sido la fuerte presión de *Verticillium* la que ocasionó los tallos débiles propensos a encamarse. Este mismo motivo hace que a continuación encontremos a Korlorit (ENC=4) y a Rumi, Nataliya, Darmi con ENC=3,7. Otras variedades como Armada (Pima columnar), A2-0008 (*G. arboreum*) y TEX-1425 (Upland) también tuvieron un alto índice de ENC=3,7 (**ANEXO III**).

El último carácter morfológico que se describirá es el nudo de la primera rama fructífera (N1RF) que está más relacionado con la precocidad de la variedad en su entrada en producción, por tanto suelen encontrarse valores de N1RF más bajos en las variedades de ciclos cortos y viceversa en las de ciclos largos. De esta forma, se entiende que cuando más bajo empiece la primera rama fructífera, más número de ramas fructíferas se generarán. Este carácter, como así se muestra en la **Tabla 15**, es significativamente inferior en las variedades Pima (N1RF=6,1) que en las Upland (N1RF=7,4) aunque con un coeficiente de determinación bajo ($R^2=5,9\%$). Las comparaciones de medias muestran que los valores más altos de N1RF=10,3 corresponden a variedades de ciclos largos como Julia, Elsa, Al-270, seguidas de N1RF=9,7 en Juncal, Carisma y Massala y por último N1RF=9,3 en TM-1 y Celia. En el otro extremo, tenemos variedades de ciclos más cortos con N1RF<5, como Rumi (N1RF=3,7), Alepo (N1RF=4), Lanovia (N1RF=4,3), y con N1RF=4,7 tenemos a Elpida, Armada, Fantom y Avangard (**ANEXO III**).

Caracteres Productivos

Los caracteres que a continuación se describen forman parte de algún cálculo de índole productiva. Empezaremos por el **número de cápsulas abiertas** (CA), este carácter en el

momento de su evaluación 30 de las 46 variedades no portaban ningún fruto maduro o abierto (CA=0) (**ANEXO III**). Esta situación la encontramos tanto en las variedades Upland como Pima, lo que explica que no se encontraran diferencias significativas entre especies para CA (**Tabla 16**). Muchas de las 16 variedades que sí mostraron una mayor precocidad en la madurez, también mostraron una floración temprana. En este ensayo tomaremos pues el valor CA como indicador de precocidad además de como carácter de cómputo productivo. Sin embargo, debemos diferenciar las variedades precoces de las que han sido afectadas por hongos vasculares, principalmente *Verticillium*, ya que este estrés biótico que reduce gravemente la producción también provoca una floración prematura y adelantos importantes en la maduración. Este fue el caso de las variedades búlgaras Avangard 264, Kolorit, Nataliya, Darmi y Rumi, que mostraron muchos daños vasculares por la importante presión biótica existente en el suelo de este ensayo. Los síntomas generales fueron una arquitectura vegetal pobre con poco desarrollo, tallos delgados, quebradizos y de baja talla, color parduzco de las hojas que en muchos casos derivaron en defoliación generalizada, vasos xilemáticos necrosados, gran cantidad de abortos fructíferos o abscisiones, así como una aceleración prematura del ciclo de cultivo (**Figura 23**). Debido a esta susceptibilidad, las variedades Avangard 264 y Kolorit presentaron el mayor número de CA (4,3 CA de media por planta) y quedando agrupadas y diferenciadas significativamente del resto de variedades ($p<0,01$). Seguidamente encontramos con 2,7 CA/planta a Rumi, Darmi, Elpida y Amazona. Ni Elpida ni Amazona mostraron síntomas claros de marchitamiento (pese a que Amazona sea ligeramente más susceptible a *Verticillium* que Elpida), por lo que en términos de estado fisiológico adecuado, estas variedades serían las de madurez más precoz del ensayo. De hecho, Amazona y Elpida son variedades comerciales de reciente inscripción en los catálogos varietales europeos (2012-2015) y son descritas como variedades de ciclo corto y súper corto de elevada producción. Una de las características más llamativas de estas dos variedades es la tardía senectud de las hojas debido a que portan genes *STAY-GREEN* (Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U., comunicación personal). Estos genes han sido identificados en mutantes de diferentes especies de plantas, incluidos muchos cultivos. La presencia de estos genes funcionales retrasa la senescencia de las hojas aumentando el potencial productivo de la planta al alargar la capacidad fotosintética (Thomas y Howarth, 2000; Hörtensteiner, 2009). Por tanto, esta mayor precocidad de Amazona y Elpida y su baja sensibilidad a *Verticillium*, sugieren que se está consiguiendo romper la relación genética existente entre estos caracteres (precocidad/susceptibilidad) como así documentaron en algodón Erdogan et al., (2013).

Siguiendo con los distintos tipos de frutos contabilizados, continuamos con el **número de frutos verdes o inmaduros** (CV). En el momento de la evaluación, las plantas deberían poseer muchos más CV de los que mostraron, seguramente debido a las abscisiones masivas de frutos en los periodos repetitivos de falta de agua a lo largo del cultivo. Las variedades *G. barbadense* resultaron significativamente superiores a las variedades *G. hirsutum* (CV=21,3 y

CV=11,7, respectivamente). De hecho, esta diferencia de casi el doble de cápsulas verdes de media en las variedades Pima, generó un coeficiente de determinación alto ($R^2=19,2\%$) indicando que una parte importante de la variabilidad de la colección de 46 variedades reside en las diferencias entre estas dos especies (**Tabla 16**). Curiosamente (**ANEXO III**) la variedad que más CV presentó fue el material Upland silvestre TEX-1425 (CV=39) resultando significativamente superior al resto de variedades. A continuación, le seguiría A2-0008 (*G. arboreum*) con CV=32,7 y las variedades Pima, Alepo (CV=30) y San Diego (CV=29). Lo curioso es que todas estas variedades poseen frutos de calibre pequeño en comparación con las grandes cápsulas de Celia y Coker 312, por ejemplo. Las variedades que menos cápsulas verdes presentaron fueron Avangard 264 (CV=0,7), Rumi (CV=2,3), Massala (CV=3) y TM-1 (CV=5,7). El carácter CV presentó una alta heredabilidad en sentido amplio en los grupos de variedades, Upland ($H^2=0,97$) y Pima ($H^2=0,83$) (**Tabla 14**). Estos resultados sugieren que *G. barbadense*, así como la entrada silvestre de *G. hirsutum* (TEX-1425) y *G. arboreum* (A2-0008), son importantes recursos genéticos para ser empleados en el desarrollo de variedades adaptadas a condiciones de estrés hídricos.

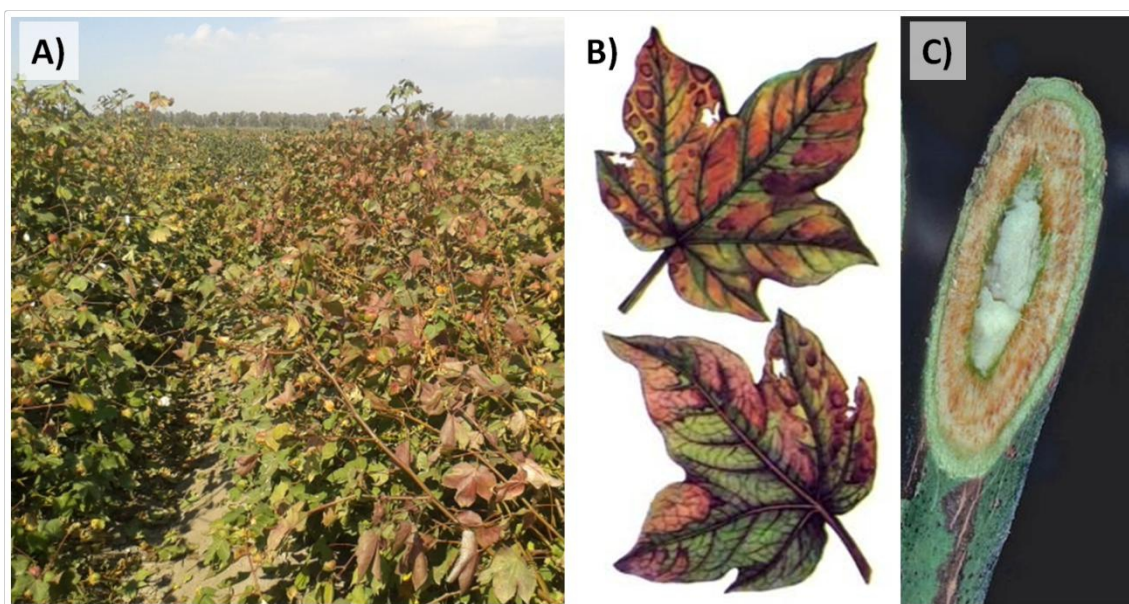


Figura 23. Síntomas de daños por el ataque del hongo *Verticillium*. A) Izquierda, cultivar Acala 90 con mayor resistencia al hongo, y derecha, cultivar Avangard 264, el más susceptible del ensayo; B) Síntomas foliares: color parduzco, zonas secas y manchas marrones; C) Vasos xilemáticos en tonos marrones afectados por *Verticillium*.

Tabla 16. Comparación de medias entre las especies *G. hirsutum* (n= 35) y *G. barbadense* (n= 9) de los 7 datos productivos evaluados en 2015 a los 126 días desde la siembra. Se usó el método LSD para la separación de medias en grupos homogéneos ($p<0,01$).

	FL ^a	CV	CA	AB	FruTot	RET	GOT
<i>G. hirsutum</i> (Upland)	7,7a	11,7a	0,8a	17,5b	20,3a	52,4a	39,7a
<i>G. barbadense</i> (Pima)	7,5a	21,3b	0,4a	9,5a	29,1b	75,0b	37,6a
R ² (%)	0	19,2	2,1	20	9,3	36,1	3,1

^a FL: Número de flores, CV: Número de cápsulas verdes, CA: Número de cápsulas abiertas, AB: Número de abscisiones, FruTot: Frutos totales, RET: Porcentaje de retención de frutos (%), GOT: % Fibra o Ginning Out-Turn (%).

R²: Coeficiente de determinación (%).

El **número de flores** (FL) contabilizadas da una idea del desbalance hídrico general que ha afectado a las plantas. La mayoría de las flores que terminan formando cápsulas maduras emergen durante las primeras 4 semanas de floración (**Figura 24**). Esto obliga a que el manejo del cultivo en estas 4 primeras semanas de floración sea muy riguroso para obtener el máximo rendimiento. Las flores contabilizadas el día de la evaluación, corresponden a la semana 7-8 de floración, y por tanto son flores que en su mayoría no llegarían a madurar al requerir al menos 2 meses hasta su apertura y posterior recolección. Si una variedad genera más flores que otra al final del periodo de la floración, está señalando que aún tiene potencial productivo. Por tanto el número de flores lo podemos considerar como una estima del tipo de ciclo presentado por dicha variedad (corto, medio o largo). No se han encontrado diferencias significativas entre las variedades Upland y Pima para este carácter lo que explica su bajo coeficiente de determinación ($R^2=0\%$). Tenemos 13 variedades (incluyendo a Kibala con 0) que mostraron menos de 2 flores por planta (**ANEXO III**), entre ellas Alepo, WC-19NSSL y Nataliya con FL=0,3, Alexandros (FL=0,6) y ST-467 y Avangard 264 con FL=1. Las variedades que más flores mostraron fueron TEX-1425 y AI-292 con FL=22,7, seguidas por Fantom (FL=22), GW-4269 (FL=19,3) y Campo (FL=16,7). Teniendo en cuenta que las flores tardan en producir cápsulas abiertas con fibra (CA) unos dos meses, lo ideal serían variedades con floraciones intermedias en el momento de la evaluación, ya que aún podrían madurar algunas antes de la recolección a mediados de octubre. Las variedades con muchas flores están mostrando largo periodo de floración y por tanto su gran vigor, y las variedades con pocas flores sugieren algún problema fisiológico o un ciclo más determinado.

Terminando con el cómputo de frutos habría que mencionar el alto **número de Abscisiones** (AB) o abortos florales ocurridos en este ensayo de 2015 y que son significativamente superiores en las variedades Upland (AB=17,5) que en las Pima (AB=9,5), con un elevado $R^2=20\%$, indicando que estas diferencias explican una parte importante de la

variabilidad total de la colección de 46 variedades (**Tabla 16**). De hecho, el número de AB en las variedades Pima son casi la mitad, debido a la condición natural de esta especie para regular de manera menos drástica la floración (a penas suelen eliminar órganos fructíferos) aunque resulten por lo general en frutos de menor tamaño. Parte de su capacidad de no abortar frutos en este ensayo se debe a que en general las variedades Pima necesitan menos agua y no sufren de igual forma los estreses hídricos respecto a las variedades Upland. De hecho, la variedad Upland silvestre TEX-1425 es la que, significativamente, más abortos florales posee de toda la colección (AB=37,7), seguida por las variedades Upland Darmi (AB=29), WC-19NSSL (AB=26), SP-57 (AB=25) y Kolorit (AB=24,3). Las variedades que menos frutos abortaron fueron TM-1 (AB=3,3), Alepo (AB=5), GW-4269 (AB=5,7) y DP-332 (AB=8,7) (**ANEXO III**). Por lo tanto, dentro de las variedades Pima podemos encontrar una mayor frecuencia de alelos favorables para este carácter.

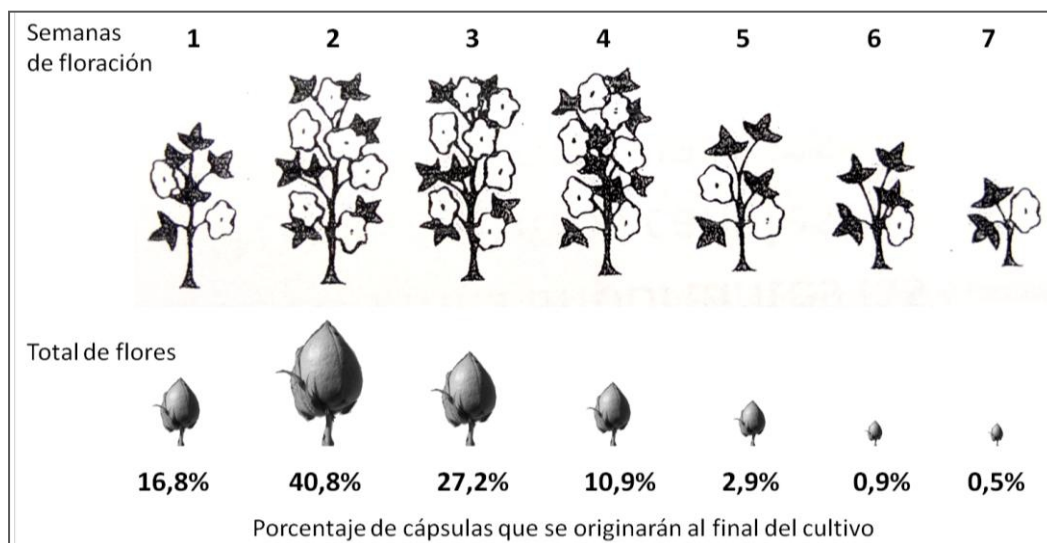


Figura 24. Formación de frutos en la planta de algodón.

Los valores obtenidos para el **número de frutos totales** (FruTot) y la **retención de frutos total** (RET), da una idea del potencial de las variedades en las condiciones del cultivo dadas. Estos caracteres han sido estimados teniendo en cuenta los cuatro caracteres analizados anteriormente (F, CV, CA y AB). De hecho, ambos parámetros están significativa y positivamente correlacionados ($r=0,64$ con $p<0,001$) (**ANEXO IV**) y en ambos parámetros las variedades Pima son superiores a las Upland (**Tabla 16**). Cabe mencionar que la mayor correlación detectada en este estudio de caracterización corresponde a la relación entre FruTot y CV ($r=0,82$, $p<0,001$) (**ANEXO IV**), posiblemente debido a que en el momento de la evaluación las cápsulas verdes (CV) eran el parámetro de mayor peso en el cómputo de los frutos totales ($\text{FruTot}=\text{F}+\text{CV}+\text{CA}$). Es

especialmente llamativa la diferencia en la retención de frutos entre las especies *G. barbadense* y *G. hirsutum*, 75% y 52,4% respectivamente, siendo este carácter el de mayor coeficiente de determinación ($R^2=36,1\%$) de todos los caracteres morfológicos y productivos analizados. Resalta por tanto la gran capacidad de las variedades Pima para retener frutos, donde 8 de las 11 variedades con mayor RET son Pima. La variedad GW-4269 (Pima) fue la que mayor retención mostró con RET=86,2% y fue la 8ª con un valor de FruTot=34,7 (**ANEXO III**). Esta variedad junto con otras dos Pima, Alepo con RET=86% y FruTot=30,3 y GW-4265 con RET=79,5% y FruTot=40,3, pueden considerarse como las variedades de mayor potencial de éxito en fructificación de la colección y probablemente las de mejor respuesta ante las condiciones de estrés hídrico y altas temperaturas del verano 2015. En este sentido, la variedad TEX-1425 (Upland silvestre) fue la que, significativamente, más frutos generó con 62,3 frutos totales debido a la gran cantidad de F, CV y CA formadas, y tuvo una retención moderada-alta (RET=62,6%). De media, esta variedad TEX-1425 sería la de mayor potencial productivo, pero hay que recordar que posee los frutos más pequeños de todas las variedades *G. hirsutum* y su rendimiento bruto en la recolección no sería muy elevado, no obstante, su uso podría ser interesante para incrementar estos dos caracteres (FruTot y RET). Cabe destacar a la variedad Carisma (Upland), que quedó 5ª en ambos parámetros (RET=77,1% y FruTot=36,7) por lo que podemos afirmar que su gran número de frutos está relacionado con la gran retención que posee de los mismos y que sumado al mayor tamaño de cápsula, poseería uno de los mayores rendimientos de algodón bruto de la colección de 46 variedades debido también a su largo ciclo y vigor. Otras variedades no tuvieron retenciones tan altas, pero sí muchos frutos, como la variedad Fantom (Upland) (FruTot=42,3), la variedad AI-292 (Upland) (FruTot=39,3) y la variedad A2-0008 (*G. arboreum*) (FruTot=36,0).

El último parámetro estudiado de cómputo productivo sería el **porcentaje de fibra** o más conocido internacionalmente como Ginning Out-Turn (GOT). Este valor es especialmente interesante para las industrias desmotadoras pues obtendrían más cantidad de fibra por cada kilo comprado de algodón bruto y por tanto mayores beneficios. Este porcentaje, suele ser más elevado cuando las condiciones medioambientales del cultivo han sido adecuadas, por tanto, de nuevo los valores de GOT obtenidos en este ensayo con múltiples episodios de estrés hídrico podrían no representar el potencial de cada variedad bajo condiciones óptimas. No se encontraron diferencias significativas entre las especies Upland y Pima (**Tabla 16**). Las variedades que más % de fibra registraron fueron SP-57 y Julia con GOT=46,2%, seguidas por Elsa (GOT=46,1%), DP-332 (GOT=45,6%), Carisma (GOT=45%) y Elpida (GOT=44,7%) (**ANEXO III**). Las que menos % de fibra produjeron fueron en general todas las variedades búlgaras con problemas de Verticilosis. En primer lugar, estaría Rumi (GOT=29,9%), significativamente inferior a todas las variedades de la colección (grupo A), después estaría Nataliya (GOT=31,2%) que también sería significativamente inferior a todas las variedades de la colección (grupo B). A continuación, irían Kolorit (GOT=32,3%), TEX-1425 (GOT=32,6%) y Darmi (GOT=33%).

Curiosamente la variedad Avangard 264, que fue la más afectada por la verticilosis, quedó incluso por delante de tres variedades Pima en la 32ª posición con GOT=36,6%.

2.2. Caracterización de la calidad de la fibra

Se ha observado una importante y significativa variabilidad en 6 de los 7 parámetros físicos de calidad de fibra analizados en la colección de 43 genotipos (33 *G. hirsutum*, 9 *G. barbadense* y 1 *G. arboreum*) (**Tabla 17**). Los parámetros con diferencias entre genotipos de mayor significación en el ANOVA ($***P<0,001$) fueron la Longitud (LEN), Uniformidad (UNF), el Porcentaje de Fibras Cortas (SFI), la Resistencia (STR) y la Elongación (ELG). A continuación ($**p<0,01$) tendríamos la Madurez de la fibra (MAT) y por último el único parámetro que no resultó significativo, el Micronaire (MIC). Por otro lado, las heredabilidades en sentido amplio (sin contar el Micronaire) han sido más bajas que en los caracteres morfológicos y productivos, con rangos de $H^2=0,26-0,95$ en *G. hirsutum* y $H^2=0,04-0,93$ en *G. barbadense* (**Tabla 17**). Esto indica que las altas y significativas diferencias genotípicas encontradas en el total de la colección se deben más a diferencias entre especies que dentro de ellas para algunos de estos caracteres. Sólo los parámetros LEN, UNF, SFI y STR mostraron diferencias significativas ($p<0,01$) entre las principales especies *G. hirsutum* y *G. barbadense*, con coeficientes de determinación muy altos ($R^2=20,7-63,1$) (**Tabla 18**). Estos resultados confirman lo ya conocido sobre la mayor calidad de fibra de *G. barbadense* (Basbag y Gencer, 2007). Como la especie *G. arboreum* solo cuenta con una variedad (A2-0008), no se han comparado sus datos con las otras especies, aunque en los caracteres de calidad de fibra LEN, UNF y SFI, esta variedad resultó agrupada junto a la especie *G. barbadense* como grupo de mayor calidad de fibra. Tan sólo en el parámetro resistencia de la fibra (STR), la variedad A2-0008 sería significativamente superior a las demás especies con $STR=59,1$ g/tex ($p<0,01$) (**ANEXO III**). También es interesante destacar que las variedades con valores altos de retenciones de frutos (pocas abscisiones), y por tanto menos afectadas por factores ambientales como sequía o plagas, mostraron correlaciones muy significativas ($p<0,001$) con parámetros de calidad de fibra como la Longitud (LEN/RET: $r=0,6$) y el Porcentaje de Fibras Cortas (SFI/RET: $r=-0,52$). Con significaciones más moderadas encontramos la Uniformidad (UNF/RET: $r=0,44$, $p<0,01$) y la Resistencia (STR/RET: $r=0,32$, $p<0,05$).

La **longitud de la fibra (LEN)** es una de las características más importantes de la calidad de la fibra tanto para el agricultor (que recibe más dinero por cada kilo de fibra) como para la industria desmotadora (que también recibe más beneficios por este tipo de fibra). La longitud además, tiene gran importancia en el proceso textil, ya que es fundamental para determinar el tipo de hilado y el calibre de los hilos (título o número). Una mayor longitud de la fibra está altamente relacionada con hilos más resistentes, más finos y de mayor duración, por lo que en general serán de muy buena calidad. La longitud de la fibra es un rasgo muy determinado por la especie y genética varietal, aunque esta puede verse afectada fácilmente por las condiciones ambientales, especialmente por la temperatura, disponibilidad de agua o la nutrición potásica. De hecho, de todos los parámetros de calidad de fibra analizados, la longitud de la fibra mostró

la mayor heredabilidad en sentido amplio tanto en *G. hirsutum* ($H^2=0,95$) como en *G. barbadense* ($H^2=0,93$) (**Tabla 17**) y la diferencia entre las dos especies fue la que explico un mayor porcentaje de la variación genotípica total de la colección ($R^2=63,1\%$) (**Tabla 18**). Y es que las variedades Pima o, también conocidas como de Fibra Extra Larga (ELS, en inglés), poseen naturalmente mayor longitud que cualquiera de las otras especies de algodón cultivadas. Esta superioridad queda reflejada en el **ANEXO III**, donde las 11 mayores longitudes de fibra las engloban las 9 *G. barbadense*, la entrada *G. arboreum* y la variedad Massala (con posibles introgresiones de *G. barbadense*). En primer lugar encontraríamos las 7 variedades que quedarían englobadas dentro de la clasificación del USDA de Fibra Extra Larga ($>35,34\text{mm}$) (**Tabla 2**), que serían los 6 algodones Pima: GW-4269 (LEN= 38,4mm) significativamente superior a las demás, después E-1 (LEN=37,1) significativamente superior también al resto, Armada (LEN=35,8), Lanovia (LEN=35,7), San Diego (LEN=35,1) y GW-4265 (LEN=35,1); seguidas de la entrada *G. arboreum* con LEN=34,8. Fuera de este estándar de calidad pero dentro de los mismos grupos homogéneos en las comparaciones de medias (**ANEXO III**), les seguiría Alepo, Massala, Lagiralda y Cima. A continuación, se encontrarían las variedades *G. hirsutum*, con TM-1 (LEN=32,3), AI-292 (LEN=32,1) y Elpida (LEN=31,4) como las de mayor calidad.

Tabla 17. Resultados del ANOVA entre 43 genotipos y con 3 repeticiones, para los 7 parámetros de calidad de la fibra tomados en 2015 a los 175 días desde la siembra. También se muestra la heredabilidad en sentido amplio (H^2) dentro de las especies *G. hirsutum* ($n= 33$) y *G. barbadense* ($n= 9$).

Caracteres ^a	Cuadrado Medio			C.V.	H^2	
	Genotipo (g.l.= 42)	Bloque (g.l.=2)	Error (g.l.= 84)		<i>G. hirsutum</i> (Upland)	<i>G. barbadense</i> (Pima)
LEN	24,81 ***	9,22	0,16	1,3	0,95	0,93
UNF	5,07 ***	20,55	0,39	0,7	0,75	0,59
SFI	3,76 ***	0,41	0,52	19,9	0,49	0,04
STR	66,15 ***	114,07	2,90	4,5	0,62	0,74
ELG	0,90 ***	0,05	0,05	3,0	0,82	0,89
MAT	0,72 **	0,73	0,38	0,7	0,26	0,09
MIC	0,08 NS	0,11	0,08	6,2	0,11	0,00

*, ** y *** nivel de significación para $P \leq 0,05$, $P \leq 0,01$ y $P \leq 0,001$, respectivamente.

NS= no significativo.

g.l.= grados de libertad.

^a LEN: Longitud (mm), UNF: Índice de Uniformidad (%), SFI: Índice de fibras cortas (%), STR: Resistencia (g/tex), ELG: Elongación (%), MAT: Madurez (%), MIC: Micronaire.

C.V.: Coeficiente de variación (%).

Tabla 18. Comparación de medias entre las especies *G. hirsutum* (n= 33) y *G. barbadense* (n= 9) de los 7 parámetros de calidad de fibra evaluados en 2015 a los 175 días desde la siembra. Se usó el método LSD para la separación de medias en grupos homogéneos ($p<0,01$).

	LEN ^a	UNF	SFI	STR	ELG	MAT	MIC
<i>G. hirsutum</i> (Upland)	29,9a	85,9a	4,0b	35,9a	7,7a	85,8a	4,5a
<i>G. barbadense</i> (Pima)	35,5b	87,6b	2,1a	41,1b	7,9a	86,0a	4,5a
R ² (%)	63,1	28,2	50,7	20,7	1,6	4,1	1,8

^a LEN: Longitud (mm), UNF: Índice de Uniformidad (%), SFI: Índice de fibras cortas (%), STR: Resistencia (g/tex), ELG: Elongación (%), MAT: Madurez (%), MIC: Micronaire.

R²: Coeficiente de determinación (%).

Una de las características que también definen a los algodones de fibras largas y de buena calidad, son el gran índice de **Uniformidad (UNF, %)** y su bajo **Índice de Fibras Cortas (SFI, %)**. La uniformidad es un parámetro de gran relevancia industrial, pues indica el modo y la eficiencia de las fibras en el proceso de hilatura. Normalmente un algodón con un índice de uniformidad bajo tiende a incluir un alto porcentaje de fibras cortas y es difícil de procesar, lo que afecta a la uniformidad, resistencia y apariencia de los hilos (no uniformes, de apariencia peluda y baja calidad). Se han encontrado significativas correlaciones ($p<0,001$) entre la longitud y la uniformidad de la fibra ($r=0,67$) y entre la longitud y el porcentaje de fibra cortas ($r=-0,77$). De hecho, la mayor correlación significativa de todo el estudio de diversidad la encontramos entre UNF y SFI ($r=-0,92$), apoyando la afirmación inicial (**ANEXO IV**). Como puede comprobarse en el **ANEXO III**, las variedades con mayor Uniformidad son tres Pimas: E-1 (UNF=88,5), GW-4265 (UNF=88,2) y GW-4269 (UNF=88), seguidas de la variedad Upland Elsa (UNF=88,9). Las variedades con menor Uniformidad del ensayo fueron 108F (UNF=82,7), AI-270 (UNF=83,4), y TEX-1425 (UNF=83,9), consideradas como uniformidad promedio (80-82%) y alta (83-85%) según el USDA (**Tabla 3**). En cuanto al índice de fibras cortas (SFI), cabe destacar que 9 de las 11 variedades con menor índice son *G. barbadense*, encontrando la variedad *G. arboreum* en 7ª posición y la variedad Upland Elsa en 10ª posición con índices muy bajos (<6%) según el USDA (**Tabla 5**).

El parámetro **Resistencia de la fibra (STR)**, es en la actualidad el parámetro más importante para la industria textil junto a la uniformidad de la fibra (Shen et al., 2005; Chaudhary et al., 2013). Un algodón con alta resistencia soportará mejor las tensiones cada vez mayores del proceso de hilatura (mayor velocidad de giro de las máquinas) ya que estos procesos reducen la resistencia del hilo alrededor del 20-25% durante el procesado (Sreenivasan y Venketakrishnan, 2007). Disminuyendo las roturas pueden fabricarse hilos más uniformes, y por tanto, mientras más resistente sea la fibra de algodón, más fuerte es el hilo y el

tejido que se fabrica con él. La resistencia de la fibra está determinada en gran medida por la especie y variedad, aunque también puede verse afectada por la nutrición de la planta y por las condiciones climatológicas. En este sentido, la resistencia de la fibra sería el único parámetro de calidad de fibra capaz de separar a las 3 especies analizadas, puesto que el único individuo de *G. arboreum* ha sido significativamente superior al resto (STR=59,1 g/tex), seguido 10 puntos por debajo por el resto de variedades (**ANEXO III**). En la **Tabla 18**, podemos observar como las variedades Pima tendrían resistencias de fibra significativamente superiores a las Upland (STR=41,1 y STR=35,9, respectivamente), y dichas diferencias aglutinarían una buena parte de la variación total del carácter en la colección de 43 variedades ($R^2=20,7\%$). De hecho, 6 de las 10 variedades con fibra más resistente son *G. barbadense*, ya que tras la variedad A2-0008 (*G. arboreum*), encontraríamos 2 Pimas, E-1 (STR=45,7) y GW-4269 (STR=45), seguidas por la variedad Upland Acala 3080 (STR=42,2) y la Pima San Diego (STR=42). En general, a pesar de las diferencias observadas en la colección, el resto de variedades poseen también fibras resistentes según el USDA (STR=29-30) (**Tabla 4**) (**ANEXO III**). Las correlaciones de este carácter con longitud (LEN), uniformidad (UNF) y madurez (MAT), fueron positivas y significativas ($r=0,5$ $p<0,001$, $r=0,44$ $p<0,001$ y $r=0,43$ $p<0,01$, respectivamente), y negativas con las fibras cortas (SFI) ($r=-0,51$, $p<0,001$) (**ANEXO IV**).

La **elongación de la fibra (ELG)**, es también un parámetro importante dentro del proceso textil, ya que un algodón con buena elongación soportará mejor las tensiones a las que se somete generando menos roturas dentro del proceso de elaboración de los hilos. Después de la longitud de la fibra, la elongación ha mostrado ser un parámetro con alta heredabilidad en sentido amplio tanto en *G. hirsutum* ($H^2=0,82$) como *G. barbadense* ($H^2=0,89$) (**Tabla 17**). Sin embargo, como se observa en la **Tabla 18**, no se han encontrado diferencias significativas entre ambas especies. Estos resultados sugieren que podemos encontrar variabilidad genética para este carácter dentro de ambas especies susceptible de ser empleada en su mejora. En total, tenemos en la colección 26 variedades con elongaciones muy altas (ELG>7,6%) y 17 variedades con elongaciones altas (ELG=6,8-7,6) según las clasificaciones del USDA (**Tabla 6**). La única correlación significativa la encontramos entre la elongación y la madurez ($r=-0,56$, $p<0,001$), ya que a mayor cantidad de lignina depositada durante el proceso de maduración, menor elasticidad de la fibra (Fan et al., 2006). La relación entre la resistencia y la elongación de la fibra no fue significativa en la colección de 43 variedades ($r=-0,13$) lo que indica que es posible poder seleccionar para ambos caracteres a la vez y obtener variedades con mayor calidad de fibra.

La **madurez de la fibra (MAT)**, resultó significativa pero menos que las anteriores ($p<0,01$) y dentro de *G. hirsutum* y *G. barbadense* las heredabilidades en sentido amplio fueron muy bajas ($H^2=0,26$ y $H^2=0,09$ respectivamente) (**Tabla 17**). Tampoco se han encontrado diferencias significativas para este parámetro entre estas dos especies (**Tabla 18**) y todas las variedades mostraron una madurez comprendida entre el 85-87%, consideradas como fibras

maduras y en su óptimo de recogida según el USDA (**Tabla 8**). Posiblemente las diferencias significativas se deban a la poca importancia del error ($CV=0,7\%$) y a los altos valores de los grados de libertad en la prueba F de contraste.

Y ya, por último, tenemos el **Micronaire (MIC)** o finura de la fibra que no resultó significativo. Este parámetro suele estar muy afectado por las condiciones ambientales tales como temperatura, luz solar, disponibilidad de humedad y de nutrientes. En este ensayo de diversidad, el micronaire se vio afectado negativamente por las condiciones tan adversas del verano y por la irregularidad de los riegos. El Micronaire es muy importante en el proceso textil, ya que el diámetro de la fibra es fundamental para el título o calibre de los hilos. En este estudio, tan solo las variedades TM-1 ($MIC=3,9$) y DP Acala 90 ($4,2$) se encontrarían en el rango Premium ($MIC=3,7-4,2$), mientras que el resto de variedades serían calificadas como fibras ásperas ($MIC=4,3-4,9$) según las clasificaciones del USDA (**Tabla 7**).

3. Análisis de Componentes Principales (ACP)

Para visualizar mejor la diversidad genética en conjunto contenida en la colección vegetal empleada en este estudio, se realizó un análisis de componentes principales (ACP) respecto a los caracteres de interés agronómico (morfología, rendimiento y de calidad de la fibra). Para ello sólo fueron empleadas las 43 de las 48 variedades por poseer datos completos de todos caracteres fenotípicos, eliminando del análisis las variedades Pima S-6 (*G. barbadense*), Kibala (diploide, posible *G. herbaceum*) y las variedades de *G. hirsutum* Viky, Julia y Coker 312. El ACP consiste en explicar la mayor parte de la variación original o total con el menor número de variables, y por ello sólo fueron incluidos 18 caracteres de los 23 caracteres fenotípicos analizados por ser los más informativos y representativos. Por tanto, de acuerdo con los resultados del ANOVA (**Tablas 14 y Tabla 17**) fueron eliminados aquellos caracteres no significativos (Micronaire, MIC), con valores de coeficiente de variación superiores al 20% (Ramas vegetativas, RV; Frutos en ramas vegetativas, RVF; Nº de Cápsulas abiertas, CA) o con coeficientes de variación moderados y muy alta correlación con otro carácter como el Porcentaje de fibras cortas (SFI), con una correlación de $r=-0,92$ con UNF (**ANEXO III**).

Se extrajeron 5 componentes con valor propio (λ) mayor que 1 que explicaron el 80,61% de la variación total. En la **Tabla 19** se muestran las 5 primeras componentes principales tras la rotación mediante el método VARIMAX. Una vez rotadas, la primera componente (CP1) explicó el 23,8% de variación total y en ella contribuyeron positivamente en primer lugar el Nº de frutos totales (FruTot=0,91) y el Nº de nudos totales (NT=0,9), seguidas por el Nº de ramas fructíferas (RF=0,8), Nº de flores (FL=0,77), la altura (AT=0,7), Nº de cápsulas verdes (CV=0,64) y la retención de frutos (RET=0,48). Por tanto, esta primera componente principal parece estar relacionada con el potencial productivo de las variedades. La segunda componente principal (CP2) explicó el 17,97% de la variación total, y en ella contribuyeron positivamente la retención de frutos (RET=0,8) y tres parámetros de calidad de la fibra: la longitud (LEN=0,8), la uniformidad (UNF=0,69) y la resistencia (STR=0,56). En esta segunda componente también contribuyó, pero negativamente el Nº de abscisiones (AB=-0,83). Por tanto, podemos resumir que la segunda componente estaría relacionada con la calidad de la fibra y la capacidad de soportar las adversidades climáticas que provocan los habituales abortos florales o abscisiones. Seguidamente tenemos la tercera componente principal (CP3) que explicó el 16,96% de la variación total y que estaría relacionada con caracteres morfológicos principalmente. En esta CP3, contribuirían alta y positivamente la distancia media de los entrenudos (HNR=0,83) y la distancia media de los últimos 5 entrenudos apicales (ATop5=0,83), y moderadamente la altura (AT=0,57) y el nudo de la primera rama fructífera (N1RF=0,54), y con contribución negativa tendríamos el encamado (ENC=-0,51). Estos caracteres contenidos en la CP3 estarían relacionados con el vigor vegetativo de las variedades y podría ser indicativo del tipo de ciclo

varietal (corto, medio o largo). Las variedades de ciclos cortos suelen tener un vigor y desarrollo vegetativo menor.

Tabla 19. Matriz de correlación entre los 18 caracteres evaluados en la colección de 43 variedades algodón y las 5 componentes principales (CPs) obtenidas mediante el análisis de componentes principales tras una rotación VARIMAX.

Caracteres ^a	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5
<i>Morfológicos</i>					
AT	0,70^b	-0,22	0,57	0,10	0,14
ATop5	-0,20	-0,07	0,83	-0,09	-0,01
NT	0,90	0,01	-0,16	-0,07	0,07
HNR	0,02	-0,25	0,83	0,19	0,12
RF	0,80	-0,22	-0,28	0,21	-0,17
N1RF	-0,09	0,27	0,54	-0,46	0,39
ENC	-0,05	0,07	-0,51	0,07	-0,74
<i>Productivos</i>					
FL	0,77	0,03	0,40	-0,12	-0,08
CV	0,64	0,34	-0,35	0,28	-0,11
AB	0,39	-0,83	-0,13	0,01	-0,10
FruTot	0,91	0,22	-0,07	0,16	-0,17
RET	0,48	0,8	0,06	0,16	-0,12
GOT	-0,23	0,13	0,00	0,19	0,86
<i>Calidad de la fibra</i>					
LEN	0,12	0,8	-0,24	-0,16	0,07
UNF	0,03	0,69	-0,30	-0,06	0,45
STR	-0,01	0,56	-0,44	-0,30	-0,18
ELG	0,10	0,10	-0,12	0,86	0,26
MAT	-0,08	0,22	-0,20	-0,84	0,09
Variación explicada (%)	23,8	17,97	16,96	11,39	10,49
Variación acumulada (%)	23,8	41,77	58,73	70,12	80,61

^a AT: Altura de planta (cm), ATop5: Distancia media de los últimos 5 entrenudos apicales (cm), NT: Número total de nudos vegetativos, HNR: Distancia media de los entrenudos (cm), RF: Número ramas fructíferas, N1RF: Nudo de la primera rama fructífera, ENC: Encamado (1-5), FL: Número de flores, CV: Número de cápsulas verdes, AB: Número de abscisiones, FruTot: Frutos totales, RET: Porcentaje de retención de frutos (%), GOT: % Fibra o Ginning Out-Turn (%), LEN: Longitud (mm), UNF: Índice de Uniformidad (%), STR: Resistencia (g/tex), ELG: Elongación (%), MAT: Madurez (%).

^b En negrita están marcados los coeficientes de correlación más elevados (>0,45) y por tanto con más peso en cada componente principal.

La cuarta componente (CP4), que explicaría el 11,39% de la variación total, parecer estar exclusivamente relacionada de forma positiva con la elongación de la fibra (ELG=0,86), y de forma negativa, con la madurez de la fibra (MAT=-0,84) y moderadamente con el nudo de la primera rama fructífera (N1RF=-0,46). Por último, la quinta componente principal (CP5) que explicó el 10,49% de la variación total, parece estar principalmente relacionada con el % de fibra

(GOT=0,86), seguido por la uniformidad (UNF=0,45) y en contraposición al encamado (ENC=-0,74). Esta CP5 estaría representando comportamientos varietales como los ocurridos entre las variedades búlgaras, cuya afectación por *Verticillium* las condujo a la obtención de plantas muy débiles, sin vigor y con muy poco potencial de fibra.

En el gráfico de la **Figura 25**, se muestra la proyección de los 43 genotipos de algodón sobre las dos primeras componentes principales CP1 y CP2 que representan el 41,77% de la variación total. Las variedades quedaron distribuidas en función de su potencial productivo (CP1) y su retención de frutos y calidad de fibra (CP2). Las variedades *G. barbadense* junto con la variedad diploide A2-0008 (*G. arboreum*) y la variedad TM-1 de *G. hirsutum* fueron las que mostraron mayor calidad de fibra y retención de frutos. El resto de variedades (*G. hirsutum*) mostraron menor calidad de fibra y retención de frutos. Algunas de ellas con valores más elevados como Juncal, Carisma o Lider y otras como Avangard 264, Nataliya, SP-57, DP-377, 108F, Kolorit, Amazona, Rumi y Darmi con muy poca retención de frutos y en general una peor calidad de fibra. Respecto al potencial productivo (CP1) las variedades Upland mostraron mayor diversidad que las Pima. Dentro de las Upland cabe destacar las variedades AI-292 y Fantom por su mayor potencial productivo, con una retención de frutos y calidad de fibra moderada, destacando por su gran altura (AT), Número de nudos (NT), Ramas fructíferas (RF) y frutos totales (FruTot). La variedad silvestre TEX-1425 destacó por ser la de mayor número de frutos (FruTot) al ser la de variedad con más cápsulas verdes (CV) y flores (FL). También destacó por su gran altura (AT) y gran número de nudos (NT), siendo la variedad con más ramas fructíferas (RF) del estudio. Sin embargo, también posee el mayor número de abscisiones de frutos (AB) y una de las longitudes de fibra (LEN) y Uniformidades (UNF) más bajas de toda la colección (ver ANEXO III). Señalar también que la variedad TM-1 a pesar de ser la de mayor calidad de fibra dentro de Upland, mostró un potencial productivo deficiente debido principalmente al bajo número de posiciones fructíferas contabilizadas, tanto de ramas fructíferas (RF) como del número de capsulas o flores, y quedando ubicada cerca de las variedades *G. barbadense* en la parte superior de la **Figura 25**.

En la **Figura 26** se muestran de nuevo los 43 genotipos de algodón sobre las componentes principales CP1 y CP3 (40,76% la variación total). En este caso no se observa un patrón de distribución por especies. Hay un grupo de variedades con un gran vigor vegetativo (CP3) que destacan principalmente por su mayor distancia media de los últimos 5 entrenudos (Atop5) y largos entrenudos (HNR), y en menor medida por su mayor altura (AT) y su primera rama fructífera en nudos altos (N1RF) (ver ANEXO III). Estas características de mayor vigor están relacionadas con variedades de ciclos largos (175 días hasta maduración) utilizadas en zonas de cultivo con largos periodos de altas temperaturas sin precipitaciones (Texas, Uzbekistán, algunas zonas de Turquía y Australia, etc.). Este tipo de variedades suelen ser más productivas pues su largo ciclo les permite alcanzar un mayor vigor, mayor porte y por tanto mayor cantidad

de frutos. Sin embargo, en Andalucía las variedades de algodón tienen que adaptarse a ciclos más cortos que abarquen desde finales de primavera y todo el verano para escapar por un lado a las bajas temperaturas que pueda haber en primavera y a las lluvias del otoño. Algunas de las variedades de mayor vigor como Fantom y AI-292, mostraron también un mayor potencial productivo (CP1). En la **Figura 26** cabría destacar de nuevo la variedad TEX-1425, debido a su comportamiento único que le ha caracterizado, al mostrar caracteres de interés productivos (CP1) a la vez que posee características propias de un vigor moderado y más típico de una variedad de ciclo medio-corto. Ya por último en la **Figura 27**, sí que se observa un patrón de distribución por especies, lo cual es lógico ya que el CP2 está relacionado con la calidad de la fibra y la retención de frutos y es conocido que *G. barbadense* posee mayor calidad de fibra y menos abscisiones de frutos que *G. hirsutum*. De nuevo se observa la distribución de las variedades por su vigor (CP3). Destacar de nuevo a la variedad TM-1 por su alta calidad de fibra y alto vigor, aunque su potencial productivo ha sido bajo. Hay que tener en cuenta que los componentes son ortogonales (no correlacionados) y por tanto estos resultados indican que sería posible obtener variedades con un buen potencial productivo, con menos vigor y buena calidad de fibra. Así pues, variedades como TM-1 (alta calidad de fibra) y TEX-1425 (buen potencial productivo y bajo vigor) se podrían incluir en un programa de cruzamientos y tratar de conseguir las hipotéticas variedades antes citadas (ciclo corto, buen potencial y buena calidad de fibra).

En general el análisis de ACP representado gráficamente en las **Figuras 25, 26 y 27**, muestra las agrupaciones de las variedades en función de su ciclo, su potencial productivo, su retención de frutos y su calidad de fibra. Hasta ahora, las comparaciones varietales de algodón Upland realizadas por Algodonera del Sur S.A., han considerado a la variedad Lider como referente de ciclo medio, alta producción y una gran adaptabilidad a las condiciones climáticas andaluzas, y por tanto las nuevas variedades para registro interesa que sean de un ciclo menor a Lider. Esta variedad según nuestros resultados tiene un vigor medio y en las figuras se observa que forma parte de un grupo de variedades Upland con características similares (Celia, Elpida, Elsa, ST-467, Acala Maxxa y DP Acala 90). Una de ellas, Elpida, se está introduciendo por su ciclo súper corto, gran producción y calidad de fibra. De hecho, Elpida es considerada como la variedad mejor adaptada al ciclo de cultivo en Andalucía, con una diferencia de ciclo de 12 días con Lider. Este ciclo corto de Elpida le permite ser sembrado en mayo en vez de abril y ser recogido en torno al 15 de septiembre, evitándose tanto las lluvias primaverales como las otoñales y reduciéndose el número de ataques biológicos por ciclo. Según datos de Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U. (comunicación personal) en el verano de 2017, la variedad Elpida rindió de media 5.700 kg/ha, siendo la primera vez que una variedad Upland muestra ser más productiva que el mejor híbrido interespecífico sembrado en Andalucía, ya que siempre han sido mucho más productivos. No obstante, estas variedades de ciclo corto como Elpida o Amazona, suelen requerir riegos espaciados no más de 10-12 días (unos 5-6 días antes que Lider) para manifestar su potencial, ya que la falta de agua es el talón de Aquiles de estas

variedades tan precoces, especialmente en el primer riego al inicio de la floración. Esto no quiere decir que necesiten más agua, sino que ésta sea aplicada en su momento justo que siempre será antes que en las variedades de ciclo medio y largo. Por lo que un buen manejo del cultivo es también muy importante y nos permite saber en qué condiciones debemos realizar la selección. Esta variedad Elpida, sería también una buena candidata a introducir en un programa de cruzamientos.

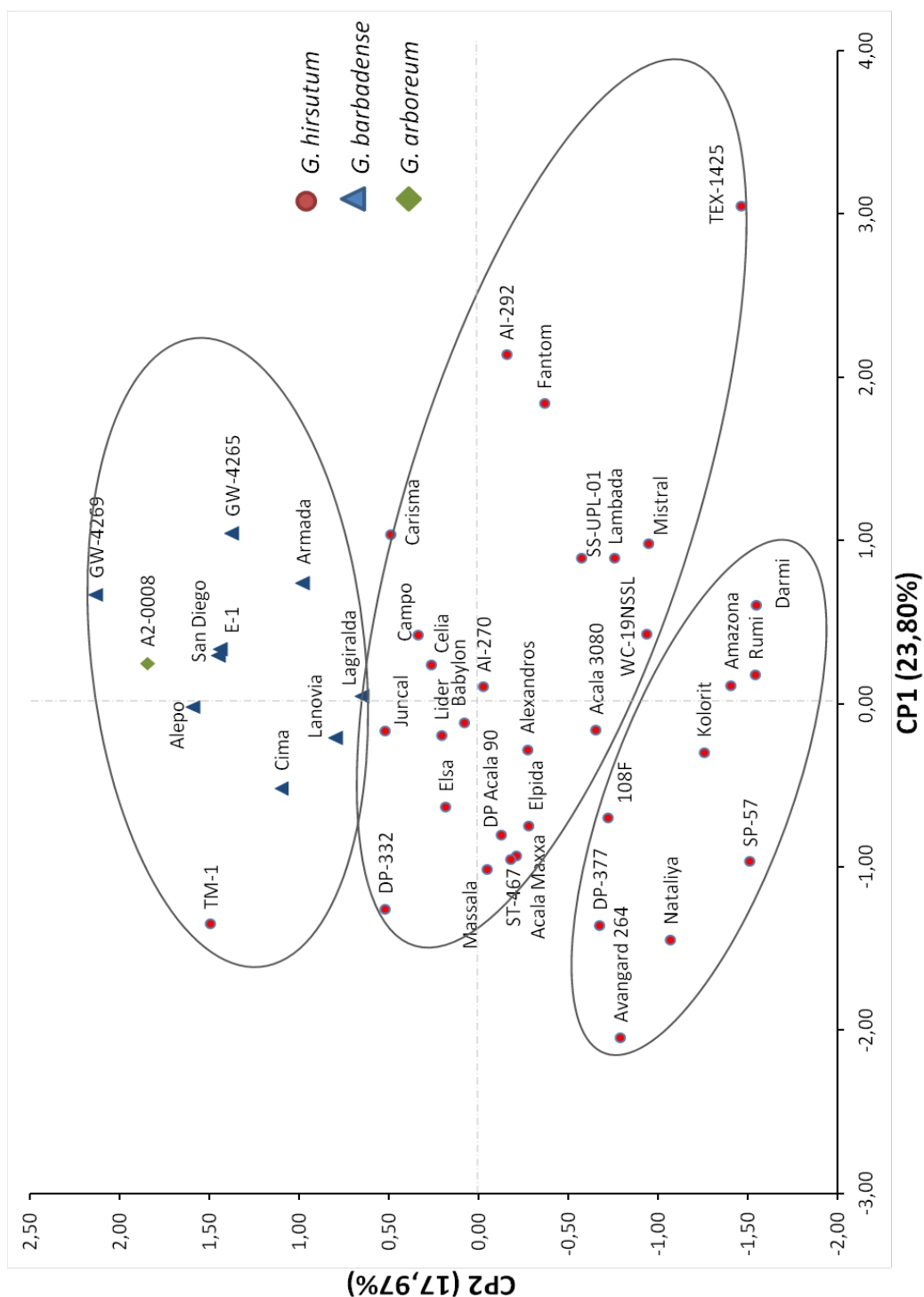


Figura 25. Distribución de los 43 genotipos de algodón evaluados respecto a las 1ª y 2ª componentes principales (41,77% de la variación total), utilizando datos de 18 caracteres fenotípicos y datos moleculares ofrecidos por 62 marcadores SSR. Se indican los 5 subgrupos de accesiones principalmente diferenciados.

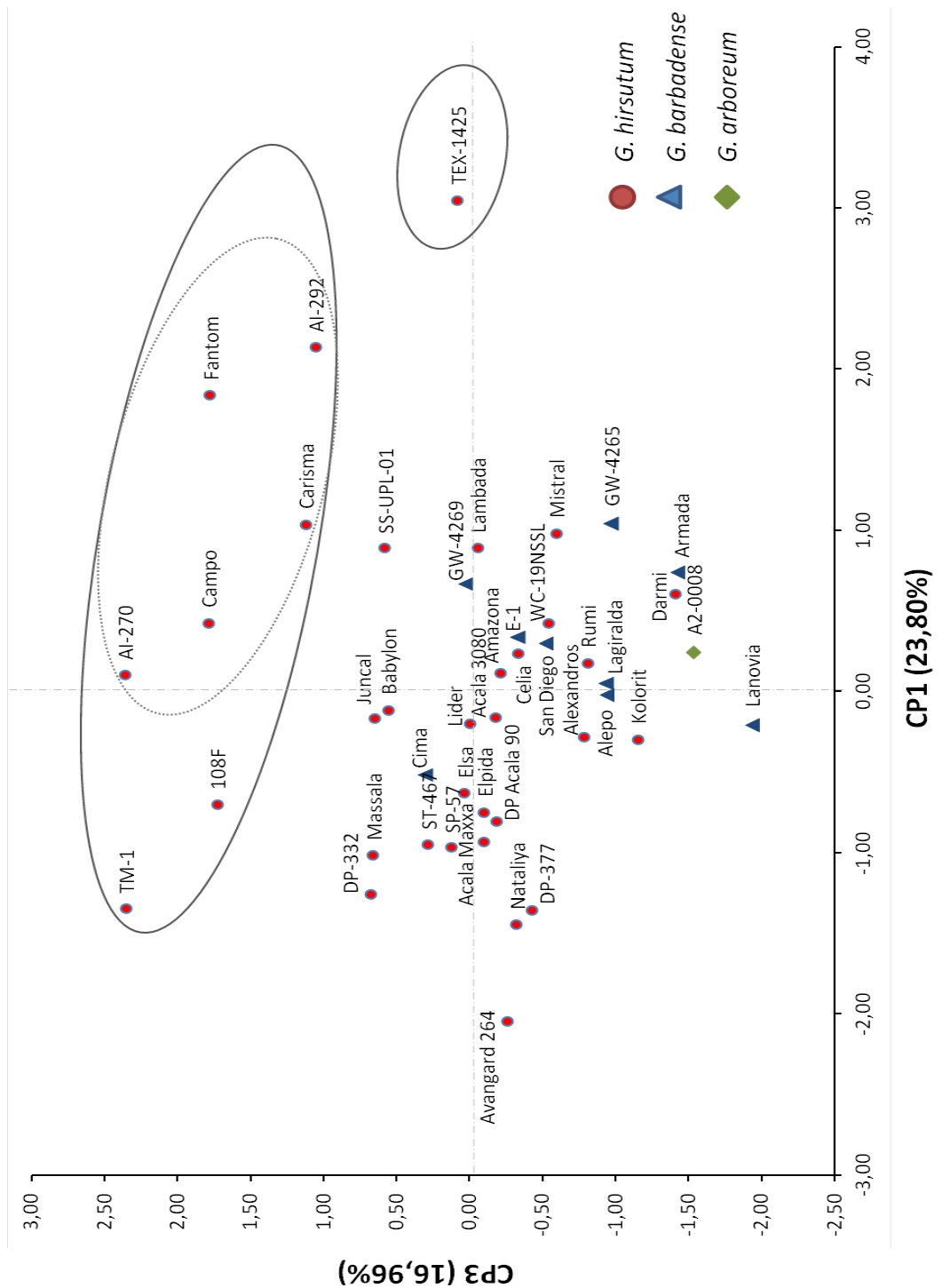


Figura 26. Distribución de los 43 genotipos de algodón evaluados respecto a las 1ª y 3ª componentes principales (40,76% de la variación total), utilizando datos de 18 caracteres fenotípicos y datos moleculares ofrecidos por 62 marcadores SSR. Se indican los 4 subgrupos de accesiones principalmente diferenciados.

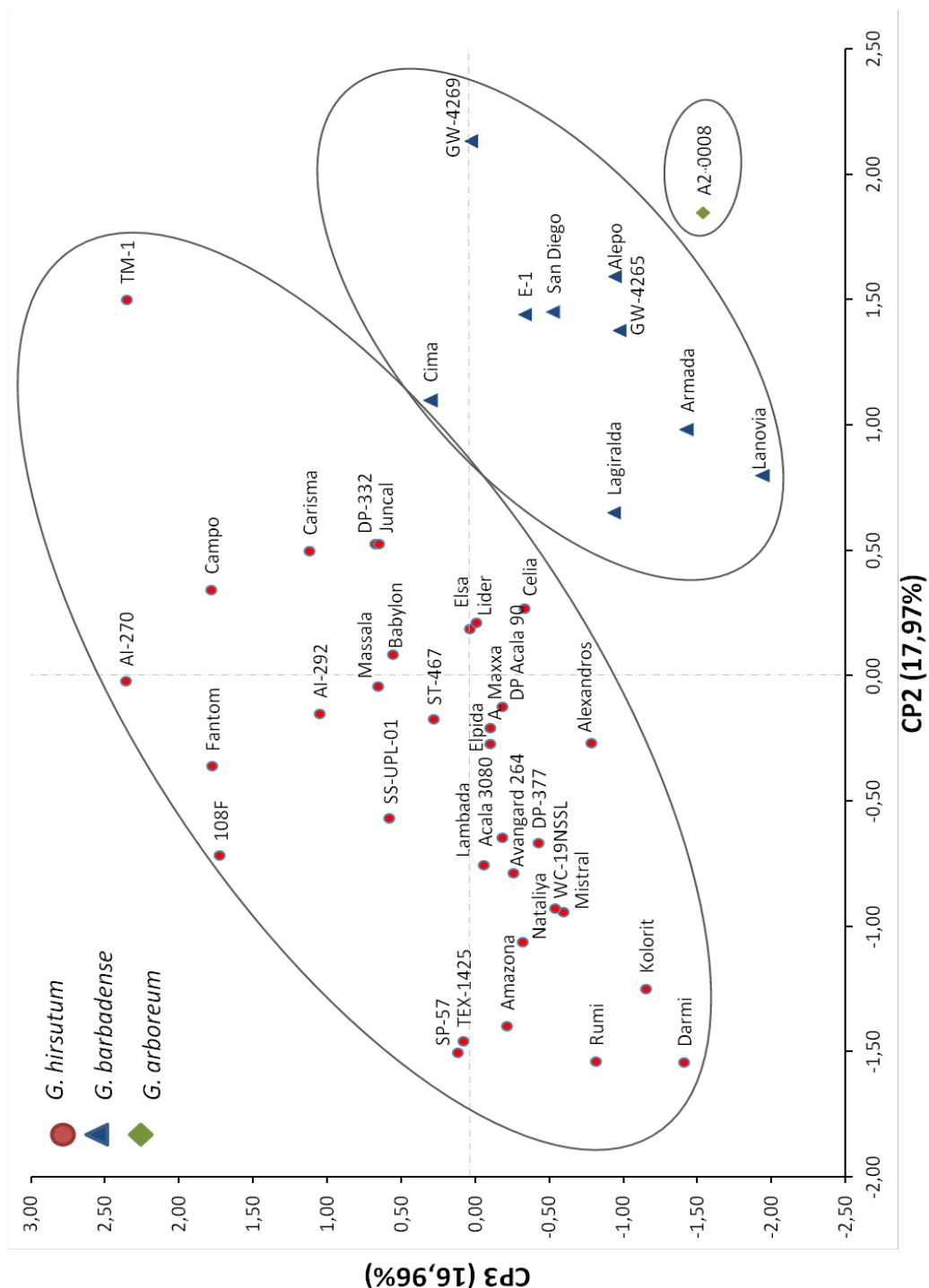


Figura 27. Distribución de los 43 genotipos de algodón evaluados respecto a las 2ª y 3ª componentes principales (34,93% de la variación total), utilizando datos de 18 caracteres fenotípicos y datos moleculares ofrecidos por 62 marcadores SSR. Se indican los 4 subgrupos de accesiones principalmente diferenciados.

3. Evaluación de híbridos interespecíficos

3.1. Balance de la polinización y desarrollo agronómico del ensayo

Como ya se ha comentado previamente, el verano de 2015 ha sido, hasta la fecha, una de las campañas algodoneras más afectada por temperaturas extremas y gran presión de plagas. Puesto que la mayor parte de las polinizaciones para la obtención de semilla híbrida se realizaron en ese verano muchas flores manipuladas, y por tanto, más sensibles terminaron abortando. En este sentido, de las 1,185 polinizaciones realizadas (en torno a 60 por cada combinación híbrida), tan solo pudieron obtenerse 456 cápsulas maduras o abiertas con semillas, lo que supone un éxito en la polinización del 38,5%. Esto provocó que no se obtuviera semilla suficiente de una de las combinaciones (Celia x GW-4269 ó 22x28) y que por tanto sólo hayan podido ser evaluadas 19 combinaciones híbridas F1.

Tabla 20. Medias climáticas mensuales del año 2016: Temperatura Máxima, Mínima y Media, así como la Humedad Relativa y Precipitación. Datos procedentes de la estación agroclimática Centro IFAPA Los Palacios y Villafranca (Sevilla).

Mes	Tª Max.	Tª Min.	Tª	Humedad Relativa	Precipitación
Enero	17,1	8	12	92,6	84,2
Febrero	17,4	6,5	11,6	85,6	42
Marzo	19,4	4,5	11,7	79,7	35,4
Abril	22,1	9,3	15,4	80,2	64,6
Mayo	25,1	12,4	18,4	73,6	148,2
Junio	31,5	15,4	23,3	62,1	0,4
Julio	33,8	18,5	25,8	67,4	1
Agosto	33,7	18,4	25,7	64,8	1,6
Septiembre	31	15,1	22,4	68,5	5,6
Octubre	26,3	13,7	19,2	79,3	95,4
Noviembre	19	8,2	13,1	82,7	103,2
Diciembre	17,5	7,2	11,5	88,5	64,4
Total	-	-	-	-	646

El 23 de abril de 2016 se realizó la siembra del ensayo de híbridos y seguidamente se realizó un riego para la nascencia. Sin embargo, cabe destacar que 15 días más tarde comenzó un periodo de 10 días de lluvias diarias en el que se acumularon 148,2mm (el 8 de mayo se recogieron 57mm) siendo el periodo más lluvioso de todo el año (**Tabla 20**) en el que además las temperaturas máximas descendieron 10°C quedándose en una media diaria de 15,2°C (19,8°C y 12,1°C de temperatura máxima y mínima, respectivamente). Este periodo de 10 días de mayo de continuas lluvias y temperaturas bajas sorprendió a muchos agricultores, y muchas siembras de algodón tuvieron que repetirse debido a una falta de germinación y/o vigor por una gran incidencia de hongos de suelo del tipo *Verticillium*. Sin embargo, los híbridos

interespecíficos poseen un mayor vigor y adaptación de forma natural a las variaciones climáticas, así como una mayor resistencia a hongos vasculares debido a la herencia paterna de *G. barbadense*. Ejemplo de ello puede apreciarse en la **Figura 28**, al comparar el mayor vigor y desarrollo fenotípico de la zona sembrada con híbridos interespecíficos (algunos ya con flores) respecto al resto de la parcela sembrada con una variedad Upland de ciclo medio que tuvo que ser resembrada debido a la baja germinación y vigor tras ese periodo de frío y lluvias. Otro aspecto a destacar en 2016, fueron las altas temperaturas alcanzadas en los meses de Julio y Agosto en todo el mundo y en muchas provincias andaluzas del Valle del Guadalquivir. Como ejemplo, en la Estación Agroclimática de Córdoba capital (Nº6) se registró en el mes de julio la temperatura mínima más alta desde que se tienen registros pues el termómetro no bajó de los 24°C en toda la noche. Estas altas temperaturas favorecieron un desarrollo óptimo e incluso algo acelerado en algunos híbridos con mayor vigor. Además, apenas hubo incidencias de plagas y las lluvias otoñales fueron bastante tardías lo que permitió la recogida de la fibra en estado óptimo de madurez tanto en nuestro ensayo como en general en el campo andaluz, y esto favoreció que la calidad final de la fibra se viera beneficiada en la campaña de 2016.



Figura 28. Se muestra acotado y señalado con flecha, el ensayo de los híbridos experimentales de algodón con tres repeticiones o bloques pertenecientes a este ensayo de Tesis. Comparado con el resto de la parcela que fue sembrada el mismo día, pero con una variedad de algodón Upland (*G. hirsutum*), se observa un mayor vigor y desarrollo vegetativo tanto en los híbridos interespecíficos de esta Tesis al fondo, como en los otros híbridos experimentales ensayados por Algodonera del Sur S.A. ubicados en la parte delantera de la imagen. Fotografía tomada el 23 de junio de 2016, a los 61 días desde la siembra.

La evaluación de las 19 combinaciones de híbridos resultantes en este estudio de Tesis Doctoral siguió un diseño de cruzamientos North Carolina II (NC-II) no balanceado al faltar una combinación (Comstock y Robinson, 1948, 1952). Las medias y comparaciones de medias ($p < 0,05$) de todos los caracteres evaluados para los 19 híbridos y los 2 testigos, quedan recogidas en el **ANEXO VI**. Puesto que se analizan datos de un único ensayo de híbridos, los

resultados se tomarán como orientativos a la hora de determinar el comportamiento potencial de una determinada combinación híbrida.

3.2. Caracterización fenotípica de los híbridos

Se ha observado una importante variabilidad genotípica en 21 de los 29 caracteres estudiados en los 19 híbridos interespecíficos. Como reflejan los resultados obtenidos en el ANOVA (**Tabla 21**), 6 de los 9 parámetros morfológicos, 8 de los 10 parámetros productivos y 8 de los 11 parámetros de calidad de fibra mostraron diferencias significativas entre los distintos híbridos. Sin embargo, de los 21 caracteres significativos 6 mostraron coeficientes de variación (C.V.) mayores del 17%. Este coeficiente está indicando que el error experimental fue importante en esos caracteres, aunque también puede ser debido a que las medias generales de muchos de ellos resultaron muy bajas (al proceder de valores individuales cercanos a cero). Dentro de los caracteres que no resultaron significativos entre genotipos (**Tabla 21**), podríamos destacar a RV, RVF, RET, UNF y SFI. Estos caracteres mostraron valores muy parecidos entre los distintos híbridos, resultando en fenotipos similares al parental masculino *G. barbadense*. Los híbridos comerciales empleados como testigos, Intercott-211 e Intercott-670, han sido desarrollados en Israel y son variedades de ciclos muy largos y gran vigor, que resultan muy productivas debido a su gran porte y al gran número y tamaño de sus frutos en condiciones de largos periodos sin lluvias. Pese a su excelente calidad de fibra Extra Larga (ELS), estos híbridos resultan de difícil manejo agronómico en nuestro clima con altas temperaturas, ya que requieren mucha atención y cuidado para evitar un exceso de vigor que pueda traducirse en el encamado del tallo principal o de sus largas ramas fructíferas (**Figura 29**).



Figura 29. *Tras un exceso de fertilización nitrogenada y una deficiente regulación del crecimiento, el híbrido comercial Intercott-211 terminó mostrando un exceso de vigor y de masa foliar en esta parcela de Rota (Cádiz), en agosto de 2014. El encamado de los tallos y el entretejido de las ramas emulan un entorno selvático de difícil acceso para la maquinaria.*

Tabla 21. Resultados del ANOVA entre los 21 híbridos (combinaciones + testigos) con 3 repeticiones, para los 29 caracteres fenotípicos (9 parámetros morfológicos, 10 relativos al potencial productivo y 10 parámetros de calidad de la fibra). Datos tomados en 2016 a los 165 días desde la siembra.

Caracteres ^a	Cuadrados Medios			C.V.
	Genotipo (g.l.=20)	Bloque (g.l.=2)	Error (g.l.=40)	
<i>Morfológicos</i>				
AT	60,13**	27,14	24,06	6,8
ATop5	0,64 NS	1,86	0,35	21,0
NT	6,87***	2,88	2,19	7,4
HNR	0,12**	0,08	0,04	5,5
RF	6,04**	2,37	2,18	12,0
N1RF	2,19**	0,15	0,76	13,7
RV	1,15 NS	1,15	1,12	54,6
RVF	2,08 NS	7,41	2,32	111,5
ENC	1,38***	0,75	0,3	27,5
<i>Productivos</i>				
FL	17,49*	31,71	7,73	66,4
CV	15,21 NS	6,94	10,51	84,3
CA	18,16***	29,53	4,85	17,8
AB	9,99*	8,03	4,72	39,0
FruTot	27,28***	65,01	6,95	16,2
RET	101,82 NS	123,94	58,14	10,2
Pcap	0,31***	0,01	0,05	5,2
GOT	3,64***	0,37	0,62	2,3
RtoFib (x10 ⁶)	0,68**	1,76	0,22	23,7
RtoBrut (x10 ⁶)	5,71**	1,53	1,87	23,6
<i>Calidad de fibra</i>				
LEN	2,25 ***	8,73	0,55	2,0
UNF	1,67 NS	15,5	1,37	1,4
SFI	0 NS	0	0	0,0
STR	13,06 ***	4,73	1,45	3,0
ELG	0,51 ***	0,2	0,12	5,6
MIC	0,47 ***	0,03	0,03	4,4
MAT	2,92 ***	0,21	0,29	0,6
BRI	7,02 ***	3,32	0,63	1,1
+b	0,42 ***	0,29	0,08	2,9
ColGrad	0,1 NS	0,06	0,1	10,7

^a AT: Altura de planta (cm), ATop5: Distancia media de los últimos 5 entrenudos apicales (cm), NT: Número total de nudos vegetativos, HNR: Distancia media de los entrenudos (cm), RF: Número ramas fructíferas, N1RF: Nudo de la primera rama fructífera, RV: Número de ramas vegetativas, RVF: Nº frutos en ramas vegetativas, ENC: Encamado (1-5), FL: Número de flores, CV: Número de cápsulas verdes, CA: Número de cápsulas abiertas, AB: Número de abscisiones, FruTot: Frutos totales, RET: Porcentaje de retención de frutos (%), Pcap: Peso medio por cápsula (g), GOT: % Fibra o Ginning Out-Turn (%), RtoFib: Rendimiento de fibra final (kg/ha), RtoBrut: Rendimiento bruto final (kg/ha), LEN: Longitud (mm), UNF: Índice de Uniformidad (%), SFI: Índice de fibras cortas (%), STR: Resistencia (g/tex), ELG: Elongación (%), MIC: Micronaire, MAT: Madurez (%), BRI: Brillo de la fibra (%Rd), +b: Amarillez de la fibra (+b), ColGrad: Grado de color de la fibra (Intersección %Rd con +b).

*, ** y *** nivel de significación para $P \leq 0,05$, $P \leq 0,01$ y $P \leq 0,001$, respectivamente; NS= no significativo.

g.l.= grados de libertad; C.V.: Coeficiente de variación (%).

Por tanto, la evaluación de los caracteres analizados irán enfocados a seleccionar comportamientos híbridos con menor vigor (menor AT, HNR, ENC), ciclos mejor adaptados (menor N1RF, FL, AB), alta calidad de fibra (valores altos de LEN, STR, ELG, MAT, BRI; valores intermedios de MIC= 3,7-4,2; valores bajos de +b) y con producciones similares a las variedades Intercott (valores altos de NT, RF, CA, FruTot, Pcap, GOT, RtoFib, RtoBru). En el **ANEXO VI** pueden compararse las medias de las 19 combinaciones de híbridos desarrollados junto a los dos testigos comerciales para los 21 caracteres evaluados que resultaron significativos. Según estas comparaciones, para caracteres morfológicos relacionados con el vigor como la altura (AT), la distancia entre nudos (HNR), el encamado (ENC) o el número de flores (FL), encontramos que muchos de los híbridos desarrollados mostraron valores menores que los híbridos y por tanto sugieren que dichos híbridos poseen ciclos más cortos que los testigos. En general también se han encontrado combinaciones de híbridos con mejores características de calidad de fibra que los testigos, especialmente respecto a la longitud (LEN), resistencia (STR), elongación (ELG) y micronaire (MIC). Sin embargo, el testigo comercial Intercott-211 fue el que mostró mayor rendimiento bruto de algodón y también mayor rendimiento en fibra, ya que su gran vigor asociado a su largo ciclo de cultivo le permite generar un gran número de frutos (FruTot) y de gran calibre (Pcap). Según las comparaciones de medias del **ANEXO VI**, parece que los híbridos que utilizaron al parental femenino Lider (Código 17), fueron los que menor ciclo y vigor presentaron ya que en general mostraron valores bajos de AT y FL, pero muchas CA. Sin embargo, lo llamativo de estos híbridos son los elevados rendimientos brutos y de fibra obtenidos a pesar de mostrar ciclos cortos y pocos nudos (NT). Esto se debe a que en general, los híbridos derivados de Lider presentan gran número de frutos de peso moderado en su madurez, ubicados en ramas de longitud media, pero con numerosas posiciones fructíferas (aspecto compacto). Cabe destacar en este sentido los híbridos 17x6 (Lider x Alepo) y 17x8 (Lider x Armada), que mostraron ser muy productivos pese a su menor desarrollo general y por tanto se muestran como candidatos potenciales para su cultivo en Andalucía.

Por el contrario, el híbrido 22x8 (Celia x Armada) y el testigo comercial Intercott-670 (I-670) serían las variedades con mayor vigor de este ensayo y además con largos ciclos. Puede observarse en el **ANEXO VI** el alto número de flores (FL) de los híbridos 22x8 y el testigo I-670 en el momento de la toma de datos (8,5 y 7,9 flores, respectivamente), pocas cápsulas abiertas (10 CA y 9,3 CA, respectivamente) y un gran desarrollo vegetativo, siendo poco deseables para el clima de cultivo andaluz. Además, como se observa en el **ANEXO VI**, ambos testigos comerciales mostraron valores muy altos de encamado por el exceso de desarrollo vegetativo que les caracteriza y tan sólo mencionar que el encamado observado en el híbrido 17x6 en este ensayo fue posiblemente debido a un exceso de densidad de siembra por exceso de semilla híbrida. En este aspecto otro híbrido resultó interesante; el híbrido 21x9 (Amazona x Lanovia) mostró un fenotipo muy característico y con muchas ventajas derivadas de la canalización de su vigor. En primer lugar, este híbrido resultó muy productivo al poseer el mayor número de frutos del

ensayo (FruTot=22,5). Esto se tradujo a su vez en rendimientos bastante altos según se muestra en la comparativa de medias (**ANEXO VI**), a pesar de poseer frutos de calibre mediano. Su peculiaridad productiva parece residir en su potente porte columnar de aspecto compacto, que le permite mantener un gran número de nudos (NT=22,6) y ramas fructíferas (RF=15,2) de corta longitud. Esta superioridad en frutos en primera y segunda posición favorece un mayor rendimiento total de la planta al ser los frutos de mayor peso productivo (Jenkins et al., 1990). Gracias a este porte erecto, este híbrido 21x9 no mostró a penas encamado (ENC=1,2) a pesar de ser el más alto del ensayo (AT=78,8cm).

3.3. Análisis de la ACG y ACE (NC-II)

Para poder determinar las razones de la superioridad o inferioridad observada en los distintos híbridos, podemos visualizar en la **Tabla 22** los resultados del análisis de la varianza con todas las fuentes de variación implicadas en el análisis de la Aptitud Combinatoria (AC) de los parentales utilizados en la obtención de los híbridos interespecíficos. Observamos que de los 21 caracteres significativos evaluados, 17 han mostrado diferencias significativas entre hembras *G. hirsutum* empleadas (ACG_H), 16 caracteres han mostrado diferencias significativas entre machos *G. barbadense* (ACG_M) y 14 caracteres han mostrado una interacción significativa (Hembra x Macho) (ACE). A continuación, se discuten por separado los resultados obtenidos en el análisis de la Aptitud Combinatoria General (ACG) y de la Aptitud Combinatoria Específica (ACE).

ACG

La Aptitud Combinatoria General (ACG) de una variedad o parental, se refiere al comportamiento medio de una línea cuando se cruza con otros parentales y por tanto tiene que ver con su capacidad para transmitir o no buenos alelos a su descendencia, independientemente de con quién sea cruzada. En la **Tabla 22**, se muestran los valores de ACG con su nivel de significación obtenidos en los 9 parentales empleados para la obtención de híbridos interespecíficos (4 hembras Upland y 5 machos Pima). Como puede observarse, hay caracteres que se han visto potenciados o reducidos en las descendencias híbridas en función del parental femenino o masculino empleado, y en otros caracteres se han encontrado diferencias entre parentales en las dos especies empleadas. En el caso de los caracteres AT, NT, RF, FruTot, RtoFib y RtoBrut las diferencias entre híbridos depende principalmente de la madre Upland o *G. hirsutum* empleada. Mientras que para otros caracteres como Atop5, HNR, AB, RET y GOT (**Tabla 22**) depende del padre *G. barbadense* empleado. En los 11 caracteres restantes, entre los que se encuentran los parámetros de calidad de fibra, la variabilidad entre la descendencia híbrida depende tanto de las hembras como de los machos empleados.

Tabla 22. ANOVA para ACG y ACE de los 21 caracteres significativos analizados en los 19 híbridos interespecíficos. Debido a valores faltantes, solo 57 observaciones han sido usadas en el análisis por la falta de datos del híbrido 22x28b (Celia x GW-4269).

Caracteres ^a	Cuadrados Medios				
	Bloque (g.l.= 2)	Hembra (g.l.= 3)	Macho (g.l.= 4)	H x M (g.l.= 11)	Error (g.l.= 36)
<i>Morfológicos</i>					
AT	46,69	120,24**	16,42	64,56**	20,7
NT	3,36	24,05***	2,42	5,15*	1,96
HNR	0,07	0,11	0,18**	0,09*	0,04
RF	2,77	14,02***	2,07	5,68**	1,82
N1RF	0,02	2,7*	7,51***	0,51	0,68
ENC	0,95*	3,23***	2,63***	0,2	0,24
<i>Productivos</i>					
FL	39,16*	20,24	21,64*	11,68	7,71
CA	18,05*	15,97*	19,54**	12,17*	4,69
AB	3,17	3,35	14,45*	11,63*	4,17
FruTot	54,09**	36,56**	8,35	30,08***	6,85
Pcap	0,03	0,50***	0,51***	0,14**	0,05
GOT	0,32	1,10	10,74***	0,99	0,68
RtoFib (x10 ⁶)	1,64***	1,35***	0,38	0,38	0,19
RtoBrut (x10 ⁶)	14,07***	11,09***	3,18	3,45*	1,57
<i>Calidad de fibra</i>					
LEN	8,22***	6,92***	3,76***	0,54	0,56
STR	6,18*	11,57***	46,29***	3,08*	1,41
ELG	0,17	1,56***	0,91***	0,27*	0,12
MIC	0,02	0,36***	1,15***	0,06*	0,02
MAT (x10 ⁻³)	0,00	0,3***	0,6***	0,01*	0,00
BRI	3,37*	1,76	22,39***	2,54***	0,65
+b	0,29*	1,03***	0,57***	0,12	0,08

*, ** y *** nivel de significación para $P \leq 0,05$, $P \leq 0,01$ y $P \leq 0,001$, respectivamente; NS= no significativo.

g.l.= grados de libertad; C.V.: Coeficiente de variación (%).

^a AT: Altura de planta (cm), NT: Número total de nudos vegetativos, HNR: Distancia media de los entrenudos (cm), RF: Número ramas fructíferas, N1RF: Nudo de la primera rama fructífera, ENC: Encamado (1-5), FL: Número de flores, CA: Número de cápsulas abiertas, AB: Número de abscisiones, FruTot: Frutos totales, Pcap: Peso medio por cápsula (g), GOT: % Fibra o Ginning Out-Turn (%), RtoFib: Rendimiento de fibra final (kg/ha), RtoBrut: Rendimiento bruto final (kg/ha), LEN: Longitud (mm), STR: Resistencia (g/tex), ELG: Elongación (%), MIC: Micronaire, MAT: Madurez (%), BRI: Brillo de la fibra (%Rd), +b: Amarillez de la fibra (+b).

Dos variedades de *G. hirsutum*, Lider y Celia, parecen tener un buen potencial como parentales femeninos de futuros híbridos interespecíficos como así lo demuestran los valores positivos y significativos de su ACG para RtoFib y RtoBrut (**Tabla 23**). En el caso Celia parece ser debido a caracteres como nudos totales (NT), número de ramas fructíferas (RF) y peso medio de

cápsulas (Pcap) que mostraron una ACG positiva y significativa. Además, Celia posee valores de ACG negativos y significativos para el encamado (ENC) lo cual también es una ventaja al producir tallos bastante gruesos y erectos. Para Lider el número de frutos totales y Pcap son los que mostraron una ACG positiva y significativa, lo que puede estar dando lugar a un gran potencial productivo ($RtoFib=270,4^*$ y $RtoBru=818,1^*$) a pesar de tener una ACG negativa para altura de planta ($AT=-3,94^{***}$), nudos totales ($NT=-1,60^{***}$) y ramas fructíferas ($RF=-1,34^{***}$). En contra posición, cabe destacar el mal comportamiento general de los híbridos derivados de las hembras de ciclo corto Amazona y Elpida. En el caso de Amazona, los híbridos derivados mostraron muy bajo potencial productivo con una ACG negativa y altamente significativa ($RtoFib=-419,8^{***}$ y $RtoBru=-1170,9^{***}$), y en el caso de Elpida los híbridos derivados mostraron bajo número de frutos ($FruTot=-1,66^*$) y bajo peso de cápsulas ($Pcap=-0,20^{**}$), a pesar de haber aportado buenos genes para una gran longitud de fibra ($LEN=0,95^{***}$) y pronta entrada en producción ($N1RF=-0,47^*$). Dentro de los parentales masculinos *G. barbadense* (**Tabla 23**), tendríamos que destacar las descendencias híbridas derivadas de la variedad experimental GW-4269 por su alta adaptabilidad al mostrar pocos abortos florales ($AB=-2,02^{***}$) y la alta calidad de su fibra ($LEN=0,72^{**}$, $STR=3,19^{***}$ y $MIC=-0,22^{***}$). Sin embargo, estos híbridos procedentes de GW-4269 parecen mostrar bajos rendimientos. El parental Cima también destacó por generar híbridos con grandes cápsulas ($Pcap=0,28^{***}$), mucho porcentaje de fibra ($GOT=0,90^{***}$) y fibra de gran resistencia ($STR=1,38^{***}$), pero con una tardía entrada en producción ($N1RF=0,91^{***}$). Como valor negativo hay que mencionar que los híbridos derivados del parental Alepo mostraron un alto encamado ($ENC=0,69^{***}$) a pesar de mostrar una temprana entrada en producción. Los híbridos derivados de los parentales Armada y Lanovia, mostraron bajo ENC, bajo MIC y alto BRI, pero en general mostraron valores no deseados en otros muchos caracteres de importancia.

Tabla 23. ACG de los 4 parentales femeninos Upland (Hembras) y los 5 masculinos Pima (Machos) empleados en la obtención de híbridos interespecíficos. Se muestran los valores y significación para los 21 caracteres fenotípicos que resultaron significativos en el ANOVA.

	Caracteres ^a										
	AT	NT	HNR	RF	N1RF	ENC	FL	CA	AB	FruTot	Pcap
Hembras											
Lider	-	-	0,09	-	-0,04	0,58**	-1,16	1,50*	-0,1	2,09**	0,15*
Amazona	1,81	0,78	-0,04	0,53	0,2	-0,31*	-0,9	-0,84	0,39	-0,44	-0,12*
Celia	2,48	1,29*	-0,1	1,02**	0,38	-	1,65*	-0,43	-0,33	0,01	0,21**
Elpida	1,15	-0,21	0,03	0	-0,47*	0,17	0,74	-0,32	-0,02	-1,66*	-
<i>DMS 5%</i>	3,37	1,04	0,15	1,00	0,61	0,36	2,06	1,60	1,51	1,94	0,16
<i>1%</i>	4,52	1,39	0,20	1,34	0,82	0,49	2,76	2,15	2,03	2,60	0,22
<i>1‰</i>	5,95	1,83	0,26	1,76	1,08	0,64	3,63	2,83	2,67	3,42	0,28
Machos											
Alepo	1,38	-0,22	0,13*	29	-	0,69**	0,86	1,52*	0,53	1,22	0,16*
Cima	-1,64	0,38	-	-0,5	0,91**	-0,05	-1,74*	0,19	-0,22	-0,4	0,28**
Armada	0,59	-0,4	0,1	-0,13	0,18	-0,37*	0,71	-	0,29	-0,95	-0,08
Lanovia	-0,34	-0,04	-0,01	0,59	-0,62*	-	1,4	0,22	0,91	0,39	-
GW-4269	0,01	0,36	-0,09	-0,35	0,83**	0,31*	-1,65*	0,13	-	-0,35	-0,16*
<i>DMS 5%</i>	3,77	1,16	0,17	1,12	0,68	0,41	2,3	1,79	1,69	2,17	0,18
<i>1%</i>	5,05	1,56	0,22	1,5	0,92	0,54	3,08	2,4	2,27	2,91	0,24
<i>1‰</i>	6,65	2,05	0,29	1,97	1,2	0,72	4,06	3,16	2,99	3,83	0,32

^a AT: Altura de planta (cm), ATop5: Distancia media de los últimos 5 entrenudos apicales (cm), NT: Número total de nudos vegetativos, HNR: Distancia media de los entrenudos (cm), RF: Número ramas fructíferas, N1RF: Nudo de la primera rama fructífera, RV: Número de ramas vegetativas, RVF: N° frutos en ramas vegetativas, ENC: Encamado (1-5), FL: Número de flores, CV: Número de cápsulas verdes, CA: Número de cápsulas abiertas, AB: Número de abscisiones, FruTot: Frutos totales, RFT: Porcentaje de retención de frutos (%), Pcap: Peso medio por cápsula (g).
*, ** y *** nivel de significación para $P \leq 0,05$, $P \leq 0,01$ y $P \leq 0,001$, respectivamente; el resto son valores no

DMS: Diferencias mínimas significativas para comparar los valores dos a dos de la ACG dentro de hembras y dentro de machos a los niveles de significación de $\alpha = 5\%$, 1% y $1‰$.

Tabla 23. Valores de ACG. Continuación.

	Caracteres ^a									
	GOT	RtoFib	RtoBrut	LEN	STR	ELG	MIC	MAT	BRI	+b
Hembr										
Lider	-0,21	270,4*	818,1*	-	0,59	0,30**	0,13**	0,001	-0,49*	0,27**
Amazon	-0,26	-	-	0,06	0,67*	-0,07	-0,14**	-0,002	-0,11	0,14
Celia	0,2	243,6*	671,6*	-0,45*	-0,13	-	0,19**	0,006**	0,48*	-
Elpida	0,3	-45,3	-184,5	0,95**	-	0,09	-0,14**	-	0,22	-0,09
<i>DMS</i>	0,61	324,21	929,01	0,56	0,88	0,26	0,12	0,00	0,60	0,21
1%	0,82	434,41	1244,77	0,74	1,18	0,34	0,16	0,01	0,80	0,29
1‰	1,08	571,76	1638,34	0,98	1,55	0,45	0,21	0,01	1,06	0,38
Machos										
Alepo	1,03**	182,9	354,2	-	-0,61	0,22*	0,47**	0,01***	-0,59*	-0,06
Cima	0,90**	-41,1	-248,2	-	1,38**	-0,08	0,17**	0,005**	-	0,32**
Armada	-	-6,9	146	0,14	-1,21**	0,07	-	-	1,60**	-0,11
Lanovia	-0,62*	146,3	539,1	0,50*	-	0,11	-	-	1,26**	-0,27**
GW-	-0,21	-	-	0,72**	3,19**	-	-	-0,002	-	0,15
<i>DMS</i>	0,68	362,48	1038,66	0,62	0,98	0,29	0,13	0	0,67	0,24
1%	0,92	485,68	1391,7	0,83	1,32	0,38	0,17	0,01	0,9	0,32
1‰	1,2	639,24	1831,72	1,09	1,74	0,5	0,23	0,01	0,18	0,42

^a GOT: % Fibra o Ginning Out-Turn (%), RtoFib: Rendimiento de fibra final (kg/ha), RtoBrut: Rendimiento bruto final (kg/ha), LEN: Longitud (mm), STR: Resistencia (g/tex), ELG: Elongación (%), MIC: Micronaire, MAT: Madurez (%), BRI: Brillo de la fibra (%Rd), +b: Amarillez de la fibra (+b).

*, ** y *** nivel de significación para $P \leq 0,05$, $P \leq 0,01$ y $P \leq 0,001$, respectivamente; el resto son valores no *DMS*: Diferencias mínimas significativas para comparar los valores dos a dos de la ACG dentro de hembras y dentro de machos a los niveles de significación $\alpha = 5\%$, 1% y 1% .

ACE

La Aptitud Combinatoria Específica (ACE) de una determinada combinación híbrida, analiza las relaciones de dominancia y epistasia que tienen lugar respecto al valor esperado de un determinado carácter y muestra las posibles interacciones madre x padre positivas o negativas que hayan podido ocurrir. Como podemos observar en las **Tabla 24**, **Tabla 25** y **Tabla 26**, se han detectado muy pocas interacciones y generalmente con bajas significaciones.

Dentro de los 6 caracteres morfológicos recogidos en la **Tabla 24**, observamos que algunas combinaciones han mostrado mayor altura (AT) de la esperada y por tanto no deseable. La combinación Amazona x Lanovia mostró valores de ACE significativamente superiores en cuanto a número de nudos (NT=1,87*) y número de ramas fructíferas (RF=1,8*), donde también destacó Celia x Alepo (RF=1,64*). El valor de ACE con mayor significación en este grupo de caracteres lo encontramos en el híbrido Elpida x Lanovia para NT, pero resultó en un valor negativo y no deseable (NT=-2,25**). En la **Tabla 25** encontramos los valores de ACE para los 8 caracteres relacionados con el potencial productivo y sólo se discutirán aquellas interacciones que resulten favorables. Este es el caso del híbrido Elpida x GW-4269 que mostró una gran cantidad de cápsulas maduras o abiertas (CA=2,87*) lo que denota una importante madurez temprana. De nuevo, volver a mencionar el híbrido Amazona x Lanovia ya que posee el valor de ACE con mayor significación de todo el estudio, y es que como mencionamos en las comparaciones de medias, este híbrido ha mostrado poseer la mayor cantidad de frutos de todo el ensayo (FruTot=6,37***) y por tanto también mostró una superioridad productiva (RtoFib=522,2* y RtoBru=1608,3*). Sin embargo, fue el híbrido Elpida x Cima quien ha mostrado la mayor interacción respecto a la productividad (RtoFib=729,9** y RtoBru=2213,9**) y en este caso podría estar relacionado con el mayor peso de sus cápsulas (Pcap=0,30*), interacción que también comparte con el híbrido Lider x GW-4269 (Pcap=0,32*). Ya por último en la **Tabla 26**, podemos valorar los resultados de ACE para los caracteres de calidad de fibra. En primer lugar, habría que destacar la superior resistencia de la fibra mostrada por el híbrido Amazona x GW-4269 (STR=1,87**) pues aunque ambos parentales poseen valores significativos de su ACG para resistencia de la fibra, sus efectos no sólo son aditivos sino que posiblemente existan también interacciones alélicas o epistáticas que incrementan más su valor. Esto explica que dicha combinación sea la de mayor valor para STR. Por otro lado, el híbrido Celia x Alepo mostró valores negativos de elongación de la fibra (ELG=-0,59**) mientras que Elpida x Alepo mostró un comportamiento más deseado (ELG=0,42*). También encontramos otros valores de ACE deseados, como micronaire bajo en el híbrido Celia x Cima (MIC=-0,25**), mucho brillo de la fibra en el híbrido Elpida x Lanovia (BRI=1,30**) o valores de madurez de la fibra elevados (MAT) en algunos híbridos. Teniendo en cuenta los resultados obtenidos la combinación Elpida x Cima podría ser un híbrido interesante a tener en cuenta por su potencial productivo, no obstante, habrá que evaluarlo un nuevo año y en diferentes localidades para conocer su comportamiento.

Tabla 24. Valores estimados de ACE en los 19 cruzamientos de algodón obtenidos siguiendo un diseño NCII para los 6 caracteres morfológicos que resultaron significativos.

Hembras x Machos	Código	Caracteres Morfológicos ^a					
		AT	NT	HNR	RF	N1RF	ENC
Lider x Alepo	17x6	-3,92	-0,96	-0,06	-1,23	0,62	-0,15
Lider x Cima	17x7	-0,4	-0,4	0,04	-0,6	0,03	0,09
Lider x Armada	17x8	-0,4	-0,51	0,09	0,75	-0,71	0,06
Lider x Lanovia	17x9	-0,64	0,38	-0,11	0,03	-0,27	0,05
Lider x GW-4269	17x28	5,35*	1,40na	0,01	1,14	0,12	-0,12
Amazona x Alepo	21x6	-4,44	-1,4	0,05	-1,87*	0,11	0,05
Amazona x Cima	21x7	-0,92	0,33	-0,1	0,59	-0,26	-0,4
Amazona x Armada	21x8	-0,81	0,28	-0,09	0,39	0,21	0,13
Amazona x Lanovia	21x9	5,92*	1,87*	-0,05	1,89*	-0,28	0,06
Amazona x GW-4269	21x28	0,24	-1,18	0,2	-0,93	0,01	0,08
Celia x Alepo	22x6	2,8	1,43	-0,12	1,64*	-0,08	-0,04
Celia x Cima	22x7	-4,76	-0,51	-0,14	-0,73	0,27	-0,05
Celia x Armada	22x8	2,52	-0,39	0,17	-0,35	0,12	0,15
Celia x Lanovia	22x9	0,56	-0,25	0,02	-0,82	0,31	0,17
Celia x GW-4269	22x28	-	-	-	-	-	-
Elpida x Alepo	45x6	5,06	0,68	0,09	1,25	-0,73	0,25
Elpida x Cima	45x7	5,58*	0,32	0,23	0,54	-0,12	0,47
Elpida x Armada	45x8	-1,81	0,36	-0,15	-1	0,3	-0,23
Elpida x Lanovia	45x9	-5,22	-2,25**	0,15	-1,3	0,16	-0,17
Elpida x GW-4269	45x28	-3,6	0,81	-0,29*	0,6	0,18	-0,39
DMS 5%		7,54	2,32	0,33	2,24	1,37	0,81
1%		10,1	3,11	0,45	3	1,83	1,09
1‰		13,3	4,09	0,59	3,94	2,41	1,43

^a AT: Altura de planta (cm), ATop5: Distancia media de los últimos 5 entrenudos apicales (cm), NT: Número total de nudos vegetativos, HNR: Distancia media de los entrenudos (cm), RF: Número ramas fructíferas, N1RF: Nudo de la primera rama fructífera, RV: Número de ramas vegetativas, RVF: N° frutos en ramas vegetativas, ENC: Encamado (1-5).

*, ** y *** nivel de significación para $P \leq 0,05$, $P \leq 0,01$ y $P \leq 0,001$, respectivamente; el resto son valores no significativos.

DMS: Diferencias mínimas significativas para comparar los valores dos a dos de la ACG dentro de hembras y dentro de machos a los niveles de significación de $\alpha = 5\%$, 1% y 1% .

Tabla 25. Valores estimados de ACE en los 19 cruzamientos de algodón obtenidos siguiendo un diseño NCII para los 8 caracteres relacionados con el potencial productivo que resultaron significativos.

Hembras x Machos	Código	Caracteres productivos ^a							
		FL	CA	AB	FruTot	Pcap	GOT	RtoFib	RtoBrut
Lider x Alepo	17x6	0,13	-1,05	0,59	1,77	-0,16	0,02	185,6	479,2
Lider x Cima	17x7	-0,29	0,4	-1,4	-1,38	-0,06	0,04	-251,6	-752,7
Lider x Armada	17x8	-2,46	1,73	2,98*	0,83	0,07	0,47	199,6	558,1
Lider x Lanovia	17x9	3,36*	0,48	-1,8	-1,37	-0,12	-0,11	-250,5	-704,7
Lider x GW-4269	17x28	-0,33	-1,59	0,12	0,23	0,32*	-0,37	210,3	683,7
Amazona x Alepo	21x6	0,08	-0,65	-1,74	-4,53**	0,22	0,4	-232	-681,4
Amazona x Cima	21x7	1,88	1,85	1,17	0,18	-0,22	0,77	-217,4	-700,7
Amazona x Armada	21x8	-1,44	-1,26	-0,34	0,03	-0,17	-1,05*	-96,7	-229,6
Amazona x Lanovia	21x9	0	1,65	2,82*	6,37***	0,15	-0,38	522,2*	1608,3*
Amazona x GW-4269	21x28	-0,1	-1,62	-1,4	-1,97	0,06	0,32	117,6	267
Celia x Alepo	22x6	-0,31	2,28	-1,03	3,75*	0,05	-0,33	172,3	525,1
Celia x Cima	22x7	-1,77	0,25	1,05	0,06	-0,06	-0,07	-309,9	-894,9
Celia x Armada	22x8	2,02	0,16	-0,46	0,01	-0,12	0	-4,1	41,6
Celia x Lanovia	22x9	-1,18	-2,59*	-1,07	-4,09*	0,01	0,25	-139,5	-462,8
Celia x GW-4269	22x28	-	-	-	-	-	-	-	-
Elpida x Alepo	45x6	-0,23	-0,49	2,24	-0,98	-0,15	-0,13	-174,9	-457,2
Elpida x Cima	45x7	-0,15	-2,42	-0,76	1,13	0,30*	-0,77	729,9**	2213,9**
Elpida x Armada	45x8	1,56	-0,54	-2,11	-0,88	0,18	0,54	-147,6	-504,3
Elpida x Lanovia	45x9	-2,52	0,55	0,12	-0,92	-0,08	0,21	-181	-575,1
Elpida x GW-4269	45x28	1,75	2,87*	1,01	1,75	-0,21	0,21	-133,2	-413,4
DMS 5%		4,6	3,59	3,39	4,34	0,36	1,37	724,95	2077,32
1%		6,17	4,81	4,54	5,81	0,48	1,83	971,36	2783,4
1‰		8,12	6,33	5,97	7,65	0,64	2,41	1278,48	3663,45

^a FL: Número de flores, CA: Número de cápsulas abiertas, AB: Número de abscisiones, FruTot: Frutos totales, Pcap: Peso medio por cápsula (g), GOT: % Fibra o Ginning Out-Turn (%), RtoFib: Rendimiento de fibra final (kg/ha), RtoBrut: Rendimiento bruto final (kg/ha).

*, ** y *** nivel de significación para $P \leq 0,05$, $P \leq 0,01$ y $P \leq 0,001$, respectivamente; el resto son valores no significativos.

DMS: Diferencias mínimas significativas para comparar los valores dos a dos de la ACE a los niveles de significación de $\alpha = 5\%$, 1% y 1% .

Tabla 26. Valores estimados de ACE en los 19 cruzamientos de algodón obtenidos siguiendo un diseño NCII para los 7 caracteres de calidad de fibra significativos.

Hembras x Machos	Código	Caracteres de calidad de fibra ^a						
		LEN	STR	ELG	MIC	MAT	BRI	+b
Lider x Alepo	17x6	-0,26	0,42	0,07	-0,12	-0,001	0,72	0,11
Lider x Cima	17x7	0,66	-0,54	-0,26	0,05	0	-0,11	0
Lider x Armada	17x8	-0,16	-0,69	0,13	-0,06	-0,004	0,14	-0,21
Lider x Lanovia	17x9	-0,03	0,56	0,22	-0,05	-0,003	0,3	0,16
Lider x GW-4269	17x28	-0,4	-0,55	-0,05	0,24*	0,008*	-0,82	-0,1
Amazona x Alepo	21x6	-0,21	-0,7	0,18	-0,12	-0,005	-0,19	-0,16
Amazona x Cima	21x7	-0,22	0,19	0,002	0,17	0,004	1,25*	-0,27
Amazona x Armada	21x8	-0,09	-0,86	-0,11	-0,02	0	-0,2	0,29
Amazona x Lanovia	21x9	0,22	-1,22	-0,01	0,08	0,004	-0,74	0,12
Amazona x GW-4269	21x28	0,12	1,87**	0,05	-0,07	-0,002	0,1	-0,01
Celia x Alepo	22x6	-0,04	0,7	-0,59**	0,05	0,007*	-0,11	0,03
Celia x Cima	22x7	-0,36	0,85	0,27	-0,25**	-0,005	-0,24	0,29
Celia x Armada	22x8	0,58	0,9	-0,17	0,04	0	0,64	0,01
Celia x Lanovia	22x9	0,36	-0,06	0,18	-0,01	-0,005	-0,96*	-0,22
Celia x GW-4269	22x28	-	-	-	-	-	-	-
Elpida x Alepo	45x6	0,6	-0,39	0,42*	0,15	-0,003	-0,52	0,1
Elpida x Cima	45x7	0,01	-0,41	0,08	-0,01	-0,001	-0,99*	0,06
Elpida x Armada	45x8	-0,24	0,68	0,23	-0,01	0,0016	-0,67	-0,01
Elpida x Lanovia	45x9	-0,46	0,75	-0,31	-0,06	0,0003	1,30**	0,02
Elpida x GW-4269	45x28	-0,08	-1,42*	-0,31	-0,02	0	1,10*	-0,21
DMS 5%		1,24	1,97	0,57	0,26	0,01	1,34	0,48
1%		1,66	2,64	0,76	0,35	0,01	1,8	0,64
1‰		2,19	3,47	1,00	0,46	0,02	2,36	0,84

^a LEN: Longitud (mm), STR: Resistencia (g/tex), ELG: Elongación (%), MIC: Micronaire, MAT: Madurez (%), BRI: Brillo de la fibra (%Rd), +b: Amarillez de la fibra (+b).

*, ** y *** nivel de significación para $P \leq 0,05$, $P \leq 0,01$ y $P \leq 0,001$, respectivamente; el resto son valores no significativos.

DMS: Diferencias mínimas significativas para comparar los valores dos a dos de la ACE a los niveles de significación de $\alpha = 5\%$, 1% y 1% .



Discusión general

La importancia del algodón en Andalucía es indiscutible por el papel que tiene como motor de la economía y por la gran generación de empleo en las zonas agrícolas del Valle del Guadalquivir. Los retos a los que este cultivo se enfrenta a nivel mundial son muy variados, desde la competencia con las fibras sintéticas o el cambio climático, hasta la volatilidad y variabilidad de los precios en el mercado internacional. Pero en las zonas de cultivo de la Unión Europea (Grecia y España), se suman otros factores como las restricciones de las políticas agrarias, la reciente pérdida de rentabilidad por el mayor coste de la mano de obra y de insumos como el agua, y por la necesidad de disponer de variedades de alto rendimiento mejor adaptadas y con mejor calidad de fibra. Para toda la problemática antes expuesta, la mejora genética del algodón podría dar respuesta en más de un sentido. Sin embargo, la falta actual de estudios científicos sobre el comportamiento fenotípico y molecular de variedades europeas y sobre su potencial para la mejora, dificultan el diseño de un futuro programa para la obtención de mejores variedades de algodón en Andalucía. Con esta tesis se ha pretendido iniciar un estudio científico para la solución de estas y otras necesidades en algodón, realizándose conjuntamente las primeras aproximaciones hacia la obtención de nuevas variedades líneas puras así como híbridos interespecíficos potenciales que permitan dar una solución rentable y sostenible a la situación de incertidumbre del sector algodonero.

Todos los cultivos modernos han sido desarrollados por el hombre a partir de poblaciones de plantas que presentan diversidad genética, en las que se identifican, seleccionan y utilizan los individuos superiores y se descartan los indeseables. Estos actos, de forma recurrente, llevan a la selección de nuevas estructuras genéticas homogéneas y estables conocidas como variedades (Budak et al., 2004). Hasta ahora, las tareas que han protagonizado los avances en la historia de la mejora reciente del algodón han sido la introducción y la recolección de nuevo germoplasma (McCarty y Percy, 2001). Estudios como los de Campbell et al., (2010), analizaron la situación de los recursos fitogenéticos (RR.FF.) de algodón a nivel mundial, y concluyeron que muchos países, como EE. UU., aún tenían el reto de completar la realización de un estudio sobre el potencial para la mejora que pueden ofrecer los RR.FF. de sus colecciones vegetales. Este tipo de estudios tiene especial relevancia cuando existe una nueva necesidad de mejora, ya sea por motivos productivos, de calidad o de adaptación al medio. En los últimos años, ha ido cobrando importancia los estudios sobre cómo reducir la huella hídrica del algodón (ICAC, 2016b) debido a la falta de agua generalizada y derivada del cambio climático pues aumenta las dudas en muchos cultivos de grandes extensiones de regadío como el algodón. Por tanto, el primer objetivo del presente estudio de tesis consistió en realizar una caracterización fenotípica y molecular de la colección de 48 variedades de algodón elegidas por algunos o varios de sus caracteres que podrían ser interesantes para la mejora del algodón en Andalucía. La información obtenida podría guiar futuras vías de estudio hacia un mayor

conocimiento y posterior uso del acervo genético potencial de nuestra colección, así como de la ampliación de la misma.

Tras los análisis fenotípicos, moleculares, filogenéticos, estadísticos y de componentes principales en la colección varietal de 48 genotipos, se pudo constatar la importante diversidad genética y fenotípica recogida en esta colección varietal. Con la idea de iniciar futuros programas de mejora en algodón, la información obtenida de este primer objetivo podría ser continuada de formas diversas. Por ejemplo, el conocimiento de las distancias genéticas entre las variedades podría resultar útil en la selección de materiales más alejados a la hora de generar u obtener variabilidad en un carácter concreto o decidir qué parentales elegir para desarrollar variedades híbridas. De hecho, se consiguió obtener semilla de una familia F2 procedente de un cruce interespecífico entre Amazona y GW-4269, por ser los parentales más extremos en muchos de los caracteres de interés y también por poseer una mayor distancia genética interespecífica. Con la obtención de una futura tercera generación F3, podrían ya analizarse también los caracteres de calidad de la fibra, pues se necesitan unas 6-8 plantas como mínimo para obtener al menos 100-150 gramos de fibra para los análisis de fibra con el equipo HVI. Con la información de esta población F3 y una mayor saturación de marcadores SSR, podrían realizarse mapas de ligamiento genético que permitirían detectar regiones genómicas implicadas en los caracteres de interés, pudiendo así afinar la selección de caracteres fenotípicos a través de marcadores estrechamente ligados a genes candidatos. Los marcadores JESPR153, JESPR274 y BNL3255 utilizados en esta tesis, han sido previamente testados y relacionados con la resistencia a *Verticillium* (Wang et al., 2007a y b; Baytar et al., 2017), y por tanto serían buenos candidatos para la mejora de nuevas variedades resistentes. Otros marcadores que han resultado polimórficos en este estudio y que pueden resultar útiles, son NAU6634, que junto a NAU2649 (que en este estudio resultó poco informativo), parecen estar vinculados con un QTL relacionado con el periodo de floración (Li et al., 2013b); también podría utilizarse el marcador TMB0471 que según Abdurakhmonov et al., (2007) está relacionado con el porcentaje de fibra y junto al marcador DPL0041 (no incluido en este estudio), también se relacionan con 4 QTLs sobre precocidad; por último el marcador BNL2921, que también resultó polimórfico previamente (Bertini et al., 2006; Lacape et al., 2007) y que junto a JESPR0056 parecen relacionarse con un QTL de longitud de fibra en el cromosoma 1, pues en Shen et al., (2011) dicho QTL aglutinó el 24% de la variabilidad de dicho carácter.

La caracterización fenotípica en campo ha permitido la comparación de distinto germoplasma bajo las mismas condiciones, pudiendo agrupar los genotipos en función de su potencial productivo, su vigor y su calidad de fibra principalmente. Algunos de los genotipos que han resultados distintos o con caracteres positivos se nombran a continuación. Dentro de las variedades *G. hirsutum*, llama la atención en primer lugar la calidad de **TM-1** pese a las malas características agronómicas que ha mostrado en el ensayo en campo de 2015. Esta variedad

perteneciente a la unidad de germoplasma de algodón del USDA-ARS, ha sido muy estudiada precisamente por ser estándar de calidad de fibra (Lacape et al., 2010; Kushanov et al., 2016). Otro genotipo prometedor, fue el material de mejora **WC-19NSSL** al ser el único con hoja tipo Okra. En estudios previos (Rahman et al., 2005; Andres et al., 2014), los genotipos con este tipo de hoja se han mostrado igual de competitivos que los genotipos Upland con hojas normales en lo que respecta al rendimiento y la calidad de la fibra, pero los de tipo Okra además mostraron mayor precocidad, mayor tolerancia a plagas y sobre todo, mayor tolerancia a la sequía. Esta tolerancia a las condiciones climáticas más extremas parece estar relacionado con un mejor uso del agua y una menor temperatura de la cubierta vegetal en las variedades Okra (Mahan et al., 2016). Existen algunas empresas como FiberMax (Bayer Crop Science) que están introduciendo este tipo de hoja desde 2009 en algunas variedades para zonas desérticas con baja humedad relativa del aire como el sur de Texas. En Europa está registrada la variedad Roka de CSIRO (Australia), que podría ser muy interesante para futuros programas de mejora en Andalucía por el claro potencial que podrían ofrecer en la mejora del uso el agua.

Además de la hoja tipo Okra en el algodón Upland, autores como Quisenberry et al., (1982) observaron, que dentro de las líneas exóticas de *Gossypium hirsutum* existen también diferencias sustanciales respecto a la tolerancia al calor, crecimiento radicular, eficiencia en el uso del agua (WUE) y acumulación de materia seca. Sin embargo, la hibridación de estos materiales exóticos con materiales comerciales de algodón no ha tenido éxito debido a los diferentes grados de esterilidad existentes entre las razas exóticas de algodón, las distintas distorsiones de la segregación encontradas y la tendencia a preservar los haplotipos parentales de los híbridos interespecíficos. Estas circunstancias no han permitido la obtención de introgresiones funcionales y estables en los genomas de los algodones cultivados (Jiang et al., 2000; Waghmare et al., 2005). Además, hasta la fecha tampoco ha sido lanzada a nivel comercial ninguna variedad de algodón transgénica que sea tolerante a la sequía. Aún así, existen estudios prometedores como los realizados por Manickam et al., (2016) que proponen modificar las células C3 del algodón introduciendo genes de plantas C4 que permitan una expresión coordinada con ciertos orgánulos. De esta forma podría mantenerse un balance positivo del carbono mediante el incremento de la reacción de carboxilación o reduciendo la fotorrespiración que permitiría mejorar la eficiencia en el uso del agua y los nutrientes, y por tanto mejoraría el rendimiento. En este contexto de falta de variedades con tolerancia real a la sequía, cabe destacar a la variedad **Campo** de este estudio de tesis. Es la única variedad del catálogo europeo, reconocida por su gran tolerancia a la falta de agua y por tanto apta para su uso en condiciones de secano. Esta variedad griega, ha demostrado tener una buena tolerancia hídrica, rendimientos moderados y menor ciclo de cultivo que la variedad Crema 211 (cruce DeltaPine 90 x Magneto), hasta ahora utilizada para secano en Andalucía y que ha dejado de utilizarse por su largo ciclo (Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U., comunicación personal). Quizás la adaptación de la variedad Campo a condiciones sub-óptimas, haya sido el motivo por el cual

ha mostrado tanto vigor en las condiciones intensivas del ensayo de 2015. Por tanto, esta variedad también resultaría interesante en futuros programas de mejora.

Pero de todas las variedades Upland del ensayo, es la variedad **Elpida**, las que mayor potencial han demostrado en estos últimos años para cumplir con los requisitos del campo andaluz. Esta variedad posee una calidad de fibra Premium (gran longitud y resistencia de la fibra, así como bajo micronaire) y por tanto con mejor precio de venta. Pero es sobre todo reconocida por su ciclo súper corto, siendo la variedad europea que mejor se ajusta al ciclo total del verano de las zonas de cultivo en España y Grecia. Además, como detalle curioso, en algunas zonas andaluzas de cultivo de algodón en secano como Rota (Cádiz), algunos agricultores probaron a cambiar en el verano de 2017 la variedad Campo, que es la más recomendada para secano por su mayor tolerancia a la sequía, por Elpida. Este cambio resultó en los mejores datos productivos en 40 años, pues Elpida en secano llegó a rendir hasta 2.700 kg/ha. Por tanto, podrían hacerse futuros ensayos con esta variedad en este sentido. Por otro lado, Elpida posee mejor resistencia a *Verticillium* que otras variedades de ciclo corto como Amazona, pero aún habría que mejorar la falta de vigor inicial observada en la pobre emergencia de las semillas en algunos campos. Además, la arquitectura de Elpida podría mejorarse utilizando la variedad **Fantom** como donante de la apreciada estructura columnar. Además Fantom suele mostrar mayor vigor, y produce cápsulas de maduración más agrupada, con la ventaja de obtener fibras por cada planta con mayor Uniformidad, similares Micronaire y similar madurez. Con este tipo de mejoras morfológicas, podría conseguirse la variedad Upland ideal para Andalucía que combine rendimiento, calidad de fibra Premium, precocidad, ciclos cortos, resistencia a *Verticillium*, vigor en la germinación, cápsulas grandes en 1ª y 2ª posición, porte compacto y columnar, y tolerancia a la falta de agua.

Estas cinco variedades (TM-1, WC-19NSSL, Campo, Elpida y Fanton) se encuentran bastante alejadas genéticamente (**Figura 16 y ANEXO II**), salvo Elpida y Fanton que son las más próximas. Según se puede ver también por los resultados obtenidos por el ACP, fenotípicamente son también bastantes diversas (**Figuras 25, 26 y 27**). Por lo tanto su inclusión en un programa de cruzamientos múltiples sería muy interesante para el desarrollo de nuevas variedades tipo Upland, ya que se esperaría generar una alta diversidad.

Dentro de las variedades *G. barbadense* o Pima, ha sido llamativo el comportamiento de las variedades experimentales GW-4269 y GW-4265, que han resultado mejor posicionadas que otras comerciales inscritas en los catálogos como Armada o E-1. Las dos variedades **GW-4269 y GW-4265**, muestran un porte globoso y baja talla, con excelente calidad de fibra y ciclos más cortos que las Pima comerciales del ensayo. En el caso de GW-4265, presentó mejores valores en muchos caracteres respecto al resto de variedades Pima, como el mayor % de fibra (GOT), menor porcentaje de fibras cortas (SFI), menor distancia de entrenudos (HNR), mayor número de nudos (NT), ramas fructíferas (RF), mayor número de frutos (FruTot) y entró en producción 2

nudos antes que GW-4269 (N1RF menor) (ver **ANEXO III**). Por tanto, en este ensayo, GW-4265 resultó más precoz y con un ciclo mejor adaptado que GW-4269, aunque no es lo que Algodonera del Sur S.A. ha observado en ensayos varietales anteriores. Lo que sí coincide es la mayor calidad de fibra y retención de frutos de GW-4269 en comparación con las otras Pimas (**Figura 25**). De hecho, Algodonera del Sur S.A. ha iniciado la solicitud para inscribir la variedad GW-4269 en el catálogo comunitario. Este estudio demuestra, que se debe mantener una continua entrada de nuevo germoplasma para seguir enriqueciendo el acervo genético de interés para la mejora del algodón en la Unión Europea, y concretamente en Andalucía.

Una de las vías elegidas en esta tesis para la aplicación de la variabilidad observada, ha sido la selección de parentales *G. hirsutum* y *G. barbadense* con rasgos potenciales para la obtención de híbridos interespecíficos de algodón de Fibra Extra Larga (ELS). Los híbridos ofrecen una calidad de fibra similar a las variedades Pima, pero además suelen tener un menor ciclo, mayor adaptabilidad y mayores rendimientos, convirtiéndolos en los candidatos perfectos para condiciones de cultivo como las de Andalucía. Con el uso de híbridos se pretende aprovechar una variabilidad extra procedente de la heterosis o superioridad híbrida. Autores como Huang et al., (2015) definen la heterosis como un proceso previsible e ingenioso, y que supone una gran contribución ante el reto de alimentar a una creciente población mundial que depende de una cantidad de tierra cultivable ya maximizada. Estos mismos autores parecen haber demostrado además que la acumulación de numerosos alelos raros con dominancia positiva habría contribuido de forma importante en el fenómeno heterótico. En algodón, la heterosis ha sido estudiada principalmente para aumentar el rendimiento y la calidad de la fibra (Anandan, 2010; Munir et al., 2016; Kumar et al., 2017). Este es el caso de los híbridos interespecíficos en los que se cruzan materiales muy alejados genéticamente, con los que podemos obtener heterosis de hasta el 157,2%, mientras que los híbridos intraespecíficos (es decir, intra-*hirsutum* e intra-*barbadense*) dieron como resultado una heterosis del 33,7% y 28,3% respectivamente (Soomro et al., 1996). En estos momentos, los híbridos Intercott-211 e Intercott-670 desarrollados por la empresa israelí Hazera Seeds Ltd., son los híbridos interespecíficos comerciales de mayor superficie de cultivo en España y que mejores resultados están dando. Pero como se ha mencionado previamente, tienen como principal inconveniente un exceso de vigor innato para las condiciones del cultivo andaluzas que termina provocando el encamado el cultivo haciéndolo inoperativo. Otro efecto de dicho vigor sumado al ciclo medio-largo de estos híbridos son las flores observadas incluso tras la defoliación química de las plantas al final del cultivo. Por tanto, a pesar del gran potencial productivo que estos híbridos pueden desarrollar (hasta 8.000 kg en Israel y 6.500 kg en España) y de su mayor precio de la fibra, muchos agricultores no se atreven a dejar de sembrar el algodón Upland o convencional al requerir de un manejo menos minucioso, y por otro lado, la falta de semilla híbrida desde Israel tampoco ha dejado crecer la demanda de estas variedades.

El inicio del programa de cruzamientos abordado en la tesis ha resultado exitoso pues se han encontrado parentales con buenas aptitudes combinatorias e híbridos concretos con caracteres positivos y a menudo superiores a los testigos Intercott, especialmente en cuanto a un menor vigor. Este es el caso de la variedad Lider (*G. histutum*) cuyas descendencias en general produjeron híbridos con menor vigor y floración precoz (pocas flores y muchas cápsulas maduras al final del cultivo) a la vez que portan un gran potencial productivo debido al gran número y peso de los frutos. De hecho, el número de frutos ha sido el carácter que más heterosis ha mostrado, sobresaliendo el híbrido Amazona x Lanovia (21x9) (**Tabla 22 y 25**). En estudios previos de aptitud combinatoria realizados por otros autores, también ha sido el número de frutos el de mayor heterosis (Worley et al., 1974; Zeng y Wu, 2012). Además del híbrido 21x9 y su ideotipo de su porte erecto, podríamos destacar para futuros ensayos: Lider x Armada y Lider x Alepo debido a su buen rendimiento y menor vigor; Elpida x GW-4269 por su alta precocidad y calidad de fibra; y Elpida x Cima por su gran potencial productivo.

Estos parentales e híbridos candidatos tendrían que complementarse con futuros nuevos parentales con buena aptitud combinatoria utilizando, de nuevo, diseños de cruzamiento tipo North Carolina II. Posteriormente tendrían que repetirse estos ensayos durante varios años y en distintas localidades para obtener valores medios representativos. Esto hace que la obtención de semilla híbrida requiera cada vez mayor mano de obra para realizar las labores de polinización, y por tanto habría que ir desarrollando paralelamente programas de mejora para la obtención de líneas antroestériles (AE), al ser un elemento decisivo para una viable y competitiva comercialización de esta semilla híbrida para su siembra a gran escala. Para ello, habría que buscar fuentes de androesterilidad génico-citoplasmática (CGMS) al ser el sistema más efectivo y práctico, ya que tanto variedades comerciales como experimentales pueden testarse como restauradores para el desarrollo de híbridos. Este tipo de AE se lleva usando desde 1993, cuando se lanzó el primer híbrido CGMS de algodón llamado PKVHy 3 (Sapkal et al., 2011). Por otro lado, el uso y manejo de insectos polinizadores como las abejas en los campos de hibridación, se presenta como una actividad obligada en las condiciones de trabajo europeas donde la mano de obra para las polinizaciones manuales supondría un gran costo. El éxito de la polinización depende en primer lugar de la atracción de las abejas hacia las flores de los algodones en el campo de hibridación. Los reclamos de las flores se relacionan con su color, presencia de manchas y aroma de los nectarios. En segundo lugar, para conseguir el éxito, habría que estudiar la calidad y cantidad del polen de los padres Pima del híbrido. La determinación de variedades con mayor vigor y viabilidad del polen, asegurarán un mejor cuajado de frutos y mejor rendimiento en la producción de semilla híbrida. La tolerancia del polen a las altas temperaturas también debe tenerse en cuenta en Andalucía, por lo que en ensayos *in vitro* realizados por Kakani et al., (2005) sugirieron un umbral de 32°C para determinar si un polen es tolerante al calor o no a partir de su tasa de germinación y longitud polínica.

Los híbridos interespecíficos de fibra extra larga (ELS) suponen un gran avance en muchos sentidos para el algodón europeo, pero como se ha comentado brevemente, es ante la pérdida de fertilidad de los suelos y la falta de agua donde los híbridos pueden dar mejor respuesta que el resto de opciones varietales. Cabe destacar que el cambio climático y las malas prácticas agrícolas están provocando en el sur de España una mayor desertificación de los suelos y una sequía cada vez mayor. Especialmente el año hidrológico de 2017 (del 1 de octubre de 2016 al 1 de octubre 2017) ha sido más seco de lo normal y tan sólo se acumularon en los embalses del Guadalquivir 498,2 hm³ lo que supone un déficit de precipitaciones del 14 % con respecto al mismo periodo de los últimos 25 años. Es por tanto el cuarto año consecutivo en el que la pluviometría registrada ha estado por debajo de la media histórica (MAPAMA-CHG, 2017). Según el Sistema Automático de Información Hidrológica de la Cuenca Hidrográfica del Guadalquivir (SAIH-CHG, MAPAMA), la situación actual de sus embalses es bastante crítica con un volumen embalsado del 32,8% a fecha de 7 de febrero de 2018, comparado con la media de 65,70% de capacidad de los últimos 10 años para esa misma semana. Esta situación ha llevado a la Confederación a solicitar en diciembre de 2017 la aprobación del Real Decreto de Sequía en la cuenca del Guadalquivir y a continuar con la tendencia de reducción del agua embalsada para riego y de las dotaciones individuales de agua (MAPAMA-CHG, 2017). Estas futuras condiciones de riegos deficitarios beneficiarían a los híbridos de algodón por su mayor tolerancia a la falta de agua y a los suelos marginales pobres en nutrientes. De hecho, los riegos para el cultivo del algodón son observados de cerca por ser el cultivo de regadío de mayor superficie en Andalucía con 60.278 ha en regadío (MAPAMA, 2016b), aunque no es el que más agua necesita por hectárea. Las necesidades hídricas son mayores en el arroz, remolacha, tomate de industria o maíz, ya que el algodón es el único que con 3.000 m³/ha obtendría un buen rendimiento bruto. Si el método de riego fuera por aspersión o goteo, el cultivo de algodón necesitaría incluso menos de 3.000 m³/ha (Semillas Sostenibles Ibérica S.L.U., comunicación personal).

En esta tesis se ha mencionado principalmente la importante cohesión económico-social del cultivo del algodón en los países productores de la Unión Europea (Grecia y España). Sin embargo, la relevancia para Europa de esta materia se hace máxima cuando vuelve convertida en prenda al gran mercado europeo de la moda. Esta gran capacidad de consumo ha convertido a la Unión Europea (UE) en uno de los mayores actores dentro del comercio internacional del algodón por lo que fue integrado en mayo de 2017 dentro de la organización mundial de países productores de algodón (ICAC) a pesar de no ser un productor estratégico (ICAC, 2017a). Con esta nueva membresía, se pretende promocionar el uso del algodón en la industria textil por encima de las fibras sintéticas, así como la mejora tecnológica de la producción dada la importancia de centros de investigación de algodón que existen en Europa como el CIRAD (Francia). Una de las actuaciones más esperadas de la Unión Europea, es la presentación de acciones para hacer cadenas de valor más sostenibles en la industria de la moda, además de trabajar para que el sector del algodón sea más sostenible e inclusivo y

asegure puestos de trabajo de calidad (Modaes, 2017a). En este sentido, muchos esfuerzos políticos se están depositando para la obtención de una marca colectiva o mención de calidad que reconozca la calidad de la fibra europea para hacerla así más atractiva y competitiva. En la Unión Europea no sólo se produce algodón de muy alta calidad, si no que se dan, por defecto, condiciones de cultivo más respetuosas con el medio ambiente y los derechos sociales, así como la imposibilidad del uso de variedades transgénicas. Un ejemplo de éxito es la plataforma Better Cotton Initiative (BCI) nacida en 2005, que apoya y da formación a agricultores en todo el mundo para que apuesten por alternativas de cultivo más sostenibles como el algodón orgánico y también fomenta el comercio y cultivo socialmente justos. Dentro de la BCI se encuentran gigantes de la distribución como Inditex, C&A, H&M, IKEA, M&S Gap, VF, Adidas o Nike, sumando un total de 2.430 empresas abastecidas con algodón BCI. Según estimaciones del BCI, en 2016 se alcanzó una superficie de 3,5 millones de hectáreas de algodón orgánico lo que supone el 12-15% de la producción mundial de esta materia prima, clave en el sector de la moda (BCI, 2017; Modaes, 2017b).



Conclusiones Generales

Conclusiones generales

1. Los 62 marcadores microsatélites empleados en este trabajo han sido eficaces a la hora de caracterizar genotípicamente la variabilidad presente en la colección estudiada de 48 variedades de algodón. Esta caracterización será muy importante en la toma de decisiones sobre las líneas o entradas a emplear en el programa de mejora que lleva a cabo la empresa.
2. Se ha detectado una gran diversidad en la colección de estudio, tanto inter como intra especie, respecto a los caracteres de interés relacionados con el potencial productivo, el vigor, la precocidad o la calidad de la fibra. Teniendo en cuenta estos caracteres se propone un grupo de entradas (TM-1, WC-19NSSL, Campo, Elpida y Fanton) para ser empleadas en un programa de cruzamientos para el desarrollo de variedades Upland adaptadas a las condiciones ambientales de Andalucía.
3. Los primeros resultados obtenidos de la evaluación de híbridos experimentales (*G. hirsutum* × *G. barbadense*) indican que es posible obtener híbridos más adaptados a las condiciones de cultivo de Andalucía (menor vigor, ciclos más cortos y buen rendimiento) que los actuales híbridos comerciales (Intercott-211 e Intercott-670). No obstante será necesario volver a evaluar estos híbridos en diferentes años o localidades para confirmar estos resultados.
4. En general la ACE ha sido menos importante que la ACG para el conjunto de caracteres analizados. La variedad Lider (Upland) ha mostrado ser el parental femenino con mejor aptitud combinatoria general para caracteres relacionados con el rendimiento y vigor, pues sus descendencias han mostrado generalmente un menor vigor, ciclos más cortos y buenos rendimientos debido al gran número y peso de los frutos, en comparación con los testigos comerciales. Por lo tanto habrá que tenerla en cuenta en futuras combinaciones híbridas.



Bibliografía

- Abdalla AM, Reddy OUK, El-Zik KM, Pepper AE (2001). Genetic diversity and relationships of diploid and tetraploid cottons revealed using AFLP. *Theor Appl Genet* 102: 222-229.
- Abdellatif KF, Khidr YA, El-Mansy YM, El-Lawendey MM, Soliman YA (2012). Molecular Diversity of Egyptian Cotton (*Gossypium barbadense* L.) and its Relation to Varietal Development. *J Crop Sci Biotech* 15(2): 93-99.
- Abdellatif KF, Soliman YA (2013). Genetic relationships of cotton (*Gossypium barbadense* L.) genotypes as studied by morphological and molecular markers. *Afr J Biotechnol* 12: 4736-4746.
- Abdurakhmonov IY (2007). Exploiting genetic diversity. In: Plenary presentations and papers; Ethridge D (ed), p: 2153. *Proc. Of World Cotton Res. Conf.*, 4th, Lubbock, TX (EE. UU.), 10-14 Sept.
- Abdurakhmonov IY, Kohel RJ, Yu JZ, Pepper AE, Abdullaev AA, Kushanov FN, Salakhutdinov IB, Buriev ZT, Saha S, Scheffler BE, Jenkins JN, Abdugarimov A (2008). Molecular diversity and association mapping of fiber quality traits in exotic *G. hirsutum* L. germplasm. *Genomics* 92: 478-487.
- Abdurakhmonov IY, Buriev ZT, Shermatov SE, Kushanov FN, Makamov A, Shopulatov U, Turaev O, Norov T, Akhmedov C, Mirzaakhmedov M, Abdugarimov A (2011). Utilization of Natural Diversity in Upland Cotton (*G. hirsutum*) Germplasm Collection for Pyramiding Genes via Marker-assisted Selection Program. 5th Asian Cotton Research and Development Network. Conference 24, Lahore (Pakistán), 23-25 Feb.
- Abdurakhmonov IY, Buriev ZT, Shermatov SE, Abdullaev A, Urmonov K, Kushanov F, Egamberdiev SS, Shapulatov U, Abdugarimov A, Saha S, Jenkins JN, Kohel RJ, Yu JZ, Pepper AE, Kumpatla SP, Ulloa M (2012). Genetic diversity in *Gossypium* genus. In: *Genetic Diversity in Plants*; Galiskan M (ed), pp: 331-338. InTech, Rijeka, Croacia.
- Ademe MS, He S, Pan Z, Sun J, Wang Q, Qin H, et al., (2017). Association mapping analysis of fiber yield and quality traits in Upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Mol Genet Genomics* DOI 10.1007/s00438-017-1346-9
- Allard RW (1960). *Principles of Plant Breeding*. John Wiley & Sons, New York, NY EE. UU.
- Anandan A (2010). Environmental impact on the combining ability of fiber traits and seed-cotton yield in cotton. *Journal of Crop Improvement* 24(4): 310-323.

- Anderson JA, Churchill GA, Autrique JE (1993). Optimizing parental selection for genetic linkage maps. *Genome* 36: 181-186.
- Andres RJ, Bowman DT, Kaur B, Kuraparthi V (2014). Mapping and genomic targeting of the major leaf shape gene (*L*) in Upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Theor Appl Genet* 127: 167-177.
- Applequist WL, Cronn RC, Wendel JF (2001). Comparative development of fiber in wild and cultivated cotton. *Evol Dev* 3: 3-17.
- Araújo LF, Almeida WS, Bertini C, Neto FCV, Bleicher E (2014). The use of different clustering methods in the evaluation of genetic diversity in upland cotton. *Revista Ciência Agronômica* 45(2): 312-318.
- Arpat AB, Waugh M, Sullivan JP, Gonzales M, Frisch D, Main D, Wood T, Leslie A, Wing RA, Wilkins TA (2004). Functional genomics of cell elongation in developing cotton fibers. *Plant Mol Biol* 54: 911-929.
- Ashraf J, Malik W, Iqbal MZ, Khan A, Qayyum A, Noor E, Abid MA, Naseer Cheema HM, Ahmad MQ (2016). Comparative Analysis of Genetic Diversity among Bt Cotton Genotypes Using EST-SSR, ISSR and Morphological Markers. *J Agri Sci Technol* 18(2): 517-531.
- Balls W (1906). Studies in Egyptian cotton, In: Yearbook of the Khedival Agricultural Society, pp. 29-89. El Cairo, Egipto.
- Bardak A, Bolek Y (2012). Genetic diversity of diploid and tetraploid cottons determined by SSR and ISSR markers. *Turk J Field Crops* 17(2):139-144.
- Barrow JR (1983). Comparisons among pollen viability measurement methods in cotton. *Crop Sci* 23: 734-736.
- Basbag S, Gencer O (2007). Investigation of some yield and fibre quality characteristics of interspecific hybrid (*Gossypium hirsutum* L. × *G. barbadense* L.) cotton varieties. *Hereditas* 144: 33-42.
- Basra AS, Malik CP (1984). Development of the cotton fiber. *Int Rev Cytol* 89: 65-113.
- Baudoin JP, D'Hont A, Mergeai G (2009). Bridging classical and molecular cytogenetics of *Gossypium*. In: Genetics and genomics of cotton; Paterson AH (ed), pp: 257–281. Springer, New York, EE. UU.

- Baytar AA, Erdogan O, Frary A, Frary A, Doganlar S (2017). Molecular diversity and identification of alleles for *Verticillium* wilt resistance in elite cotton (*Gossypium hirsutum* L.) germplasm. *Euphytica* 213(31): 1-11.
- BCI (2017). BCI Retailer and Brand Members Lead the Way in Sustainable Cotton Ranking 2017. <https://bettercotton.org/bci-retailer-and-brand-members-lead-the-way-in-sustainable-cotton-ranking-2017/>. Publicado el 4 octubre 2017. [Acceso 31 de enero 2018]
- Beasley JO (1941). Hybridization, cytology, and polyploidy of *Gossypium*. *Chron Bot* 6: 394-395.
- Beckert S (2016). El surgimiento de una materia prima global. In: El imperio del algodón: Una historia global. pp: 25-50. Editorial Planeta, Barcelona, España.
- Bertini C, Schuster I, Sediyaama T, Barros E, Moreira M (2006). Characterization and genetic diversity analysis of cotton cultivars using microsatellites. *Genetics Mol Biol* 29(2): 321-329.
- Bi IV, Maquet A, Baudoin JP, Du Jardin P, Jacquemin JM, Mergeai G (1999). Breeding for 'low-gossypol seed and high-gossypol plants' in upland cotton. Analysis of trispecies hybrids and backcross progenies using AFLPs and mapped RFLPs. *Theor Appl Genet* 99(7-8): 1233-1244.
- Blenda A, Scheffler J, Scheffler B, Palmer M, Lacape JM, Yu JZ, Jesudurai C, Jung S, Muthukumar S, Yellambalase P, Ficklin S, Staton M, Eshelman R, Ulloa M, Saha S, Burr B, Liu SL, Zhang TZ, Fang DQ, Pepper A, Kumpatla S, Jacobs J, Tomkins J, Cantrell R, Main D (2006). CMD: a cotton microsatellite database resource for *Gossypium* genomics. *BMC Genomics* 7: 132-141.
- Boerjan W, Ralph J, Baucher M (2003). Lignin biosynthesis. *Annu Rev Plant Biol* 54: 519-546.
- Boopathi NM, Thiyagu K, Urbi B, Santhoshkumar M, Gopikrishnan A, Aravind S, Swapnashri G, Ravikesavan R (2011). Marker-Assisted Breeding as Next-Generation Strategy for Genetic Improvement of Productivity and Quality: Can It Be Realized in Cotton?. *Int J Plant Genomics Review*. 2011: 1-17.
- Browne MA, Crump P, Niven SJ, Teuten E, Tonkin A, Galloway T, Thompson R (2011). Accumulation of Microplastic on Shorelines Woldwide: Sources and Sinks. *Environ Sci Technol* 45(21): 9175-9179. DOI: 10.1021/es201811s

- Brubaker CL, Wendel JF (1994). Reevaluating the origin of domesticated cotton (*Gossypium hirsutum*; Malvaceae) using nuclear restriction fragment length polymorphisms (RFLPs). *Am J Bot* 81: 1309-1326.
- Brubaker CL, Bourland FM, Wendel JF (1999). The origin and domestication of cotton. In: Cotton: origin, history, technology and production; Smith CW, Cothren JT (eds), pp: 3–31. John Wiley & Sons W, New York, EE. UU.
- Budak H, Bölek Y, Dokuyucu T, Akkaya A (2004). Potential uses of molecular markers in crop improvement. *KSU Journal of Science and Engineering* 7(1): 75-79.
- Bulliet RW (2009). Cotton, Climate, and Camels in Early Islamic Iran. New York, Columbia University Press.
- Cai YF, He XH, Mo JC, Sun Q, Yang JP, Liu JG (2009). Molecular research and genetic engineering of resistance to Verticillium wilt in cotton: A review. *Afric J Biotechnol* 8: 7363-7372.
- Cai C, Ye W, Zhang T, Guo W (2014). Association analysis of fiber quality traits and exploration of elite alleles in Upland cotton cultivars/accessions (*Gossypium hirsutum* L.). *J Integr Plant Biol* 56: 51-62.
- Campbell BT, Saha S, Percy R, Frelichowski J, Jenkins JN, Park W, Mayee CD, Gotmare V, Dessauw D, Giband M, Du X, Jia Y, Constable G, Dillon S, Abdurakhmonov IY, Abdukarimov A, Rizaeva SM, Adullaev A, Barroso PAV, Pádua JG, Hoffmann LV, Podolnaya L (2010). Status of the Global Cotton Germplasm Resources. *Crop Sci* 50: 1161-1179.
- Capel Molina JJ, (1977). El clima de la Cuenca baja del Guadalquivir. Síntesis geográfica. Tesis Doctoral. Universidad de Granada pp. 307-350.
- Chaudhary B, Flagel L, Stupar RM, Udall JA, Verma N, Springer NM, Wendel JF (2009). Reciprocal silencing, transcriptional bias and functional divergence of homeologs in polyploid cotton (*Gossypium*). *Genetics* 182: 503-517.
- Chaudhary B, Singh J, Tripathi MK, Bhandari HR, Singh RK, Sharma MK (2013). Inheritance studies and quantitative trait loci (QTLs) linked to fibre strength in upland cotton. *Afr J Agric Res* 8(23): 2983-2987.
- Chen ZJ, Scheffler BE, Dennis E, et al., (2007). Toward sequencing cotton (*Gossypium*) genomes. *Plant Physiology* 145(4): 1303-1310.

- Cherbonneau A, Pérès H (1946). Kitâb al-Filâh'a ou Le Livre de l'agriculture (Traducción en francés de Abu al-Hayr al-Isbili). Carbonel Co, Argel, Argelia.
- Clark LJ, Carpenter EW, Hart GL, et al., (1998). Pima cotton regional variety trial. Safford Agric. Center Cotton. A College of Agric Rep, The Univ. of Arizona, Tucson, AZ. Series P-112:204-208.
- Clark LJ, Carpenter EW, Hart GL, et al., (2000). Regional short staple variety trial. Safford Agric. Center Cotton. A College of Agric Rep, The Univ. of Arizona, Tucson, AZ. Series P-121:107-115.
- Clark LJ, Carpenter EW, Norton ER (2003). Pima cotton regional variety trial. Safford Agric. Center Cotton. A College of Agric and Life Sci Rep, The Univ. of Arizona, Tucson, AZ. Series P 134: 144-149.
- COAG (2012). El algodón se la juega. Dossier Cotton COAG (Unión de Agricultores y Ganaderos de Andalucía) [online]. Website: http://www.coagandalucia.com/extras/noticias/DOSSIER_Algodon_El_algodon_se_la_juega.pdf [Acceso 26 de junio 2017].
- COAG (2016). Sector algodón. (Noticia) Website: <http://coagjaen.es/index.php/sectores/algodon> [Acceso 27 de junio de 2017].
- Collier AM (1970). A Handbook of Textiles. Pergamon Press, Oxford, UK. p. 258.
- Comstock RE, Robinson HF (1948). The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their uses in estimating the average degree of dominance. *Biometrics* 4(4): 254-266.
- Comstock RE, Robinson HF (1952). Estimation of average dominance of genes. In. *Heterosis*, Iowa State College Press, Ames, Iowa, USA, pp. 494-516.
- CottonInc. (Cotton Incorporated) (2017) (Actualización mensual). Monthly Economic Letter, June 2017. Website: <http://www.cottoninc.com/corporate/Market-Data/MonthlyEconomicLetter/pdfs/English-pdf-charts-and-tables/World-Cotton-Production-Bales.pdf> [Acceso 24 de agosto 2017].
- Cronn RC, Small RL, Haselkorn T, Wendel JF (2002). Rapid diversification of the cotton genus (*Gossypium*: Malvaceae) revealed by analysis of sixteen nuclear and chloroplast genes. *Am J Bot* 89(4):707-725.

- Dahab AA, Saeed M, Mohamed BB, Ashraf MA, Puspito AN, Bajwa KS, Shahid AA, Husnain T (2013). Genetic diversity assessment of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) genotypes from Pakistan using simple sequence repeat markers. *AJCS* 7(2):261-267.
- De Almeida VC, Hoffman LV, Yokomizo GKI, da Costa JN, Giband M, Barroso PAV (2009). In situ Genetic Characterization of *Gossypium barbadense* Populations from the States of Para and Amapa, Brazil. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 44(7): 719-725.
- De la Rosa D, (1984). Catálogo de suelos de Andalucía. Agencia de Medio Ambiente. Junta de Andalucía. 274 pp.
- DeJode DR, Wendel JF (1992). Genetic diversity and origin of the Hawaiian Islands cotton, *Gossypium tomentosum*. *Am J Bot* 79: 1311-1319.
- Dong HZ, Li WJ, Li ZH, et al., (2003). Yield and efficiency in hybrid seed production in cotton affected by ecological conditions. *Cotton Sci* 15: 328-332.
- Dong HZ, Li WJ, Tang W, et al., (2004). Development of hybrid Bt cotton in China-a successful integration of transgenic technology and conventional techniques. *Curr Sci* 86: 778-782.
- Dong J, Wu F, Jin Z and Huang Y (2006). Heterosis for yield and some physiological traits in hybrid cotton. *Euphytica* 151: 71-77.
- Dongre AB, Bhandarkar M, Banerjee S (2007). Genetic diversity in tetraploid and diploid cotton (*Gossypium* spp.) using ISSR and microsatellite DNA markers. *Indian J Biotech* 6: 349-353.
- Donnel EJ (1872). Chronological and Statistical History of Cotton. James Sutton and Co., New York, EE. UU.
- Elçi E, Akişcan Y, Akgöl B (2014). Genetic diversity of Turkish commercial cotton varieties revealed by molecular markers and fiber quality traits. *Turk J Bot* 38: 1274-1286.
- Elfawal MA, Bishr MA, Hassoub EK (1976). Natural cross pollination in Egyptian cotton (*Gossypium barbadense* L.). *J Agri Sci* 86: 205-209.
- Endrizzi JE, Turcotte EL, Kohel RJ (1985). Genetics, cytology, and evolution of *Gossypium*. *Adv Genet* 23: 271-375.
- Erdogan O, Ozbek N, Unay A, Gore ME (2013). The determination of relationship between Verticillium wilt (*Verticillium dahliae* kleb.) and early maturity in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Turk J Field Crops* 18(1): 8-12.

- Fan L, Linker R, Gepstein S, Tanimoto E, Yamamoto R, et al., (2006). Progressive inhibition by water deficit of cell wall extensibility and growth along the elongation zone of maize roots is related to increased lignin metabolism and progressive stelar accumulation of wall phenolics. *Plant Physiol* 140: 603-612.
- Fan L, Shi WJ, Hu WR, Hao XY, Wang DM, et al., (2009). Molecular and biochemical evidence for phenylpropanoid synthesis and presence of wall-linked phenolics in cotton fibers. *J Integr Plant Biol* 5: 626-637.
- FAO/ICAC (2013). World Apparel Fibre Consumption Survey. Library of Congress Publishing. Washington DC, EE. UU.
- Fernandez-Stark K, Bamber P, Gereffi G (2016). Peru in the High Quality Cotton Textile and Apparel Global Value Chain: Opportunities for upgrading. Center on Globalization, Governance & Competitiveness, Duke University. Informe encargado por el Bnaco Mundial. Website: http://www.cggc.duke.edu/db_search.php
- Fryxell PA (1965). Stages in the evolution of *Gossypium*. *Adv Front Plant Sci* 10: 31-56.
- Fryxell PA (1976). Germ pool utilization: *Gossypium*, a case history. USDA-ARS Publ. ARS-S-137. USDA, Washington, DC, EE. UU.
- Fryxell PA (1979). In: The Natural History of The Cotton Tribe. Texas A&M University Press, College Station, TX, EE. UU.
- Fryxell PA (1992). A revised taxonomic interpretation of *Gossypium* L. (Malvaceae). *Rheedea* 2(1): 108-165.
- Fuller DQ (2008). The spread of textile production and textile crops in India beyond the Harappan zone: an aspect of the emergence of craft specialization and systematic trade. In: Linguistics, archaeology and the human past; Osada T, Uesugi A (eds), pp: 1-26 (Indus Project, Occasional paper 3). Research Institute for Humanity and Nature, Kyoto, Japón.
- Gingle AR, Yang H, Chee PW, May OL, Rong J, Bowman DT, Lubbers EL, Day JL, Paterson AH (2006). An Integrated Web Resource for Cotton. *Crop Sci* 46: 1998-2007.
- Gore MA, Fang DD, Poland JA, Zhang J, Percy RG, Cantrell RG, Thyssen G, Lipka AE (2014). Linkage Map Construction and Quantitative Trait Locus Analysis of Agronomic and Fiber Quality Traits in Cotton. *The Plant Genome* 7(1): 1-10.

- Govila OP, Rao CH (1969). Studies on the *in vitro* germination and storage of cotton pollen. Journal of Palynology 5: 37-41.
- Grabber JH, Ralph J, Lapierre C, Barrière Y (2004). Genetic and molecular basis of grass cell-wall degradability. I. Lignin-cell wall matrix interactions. C R Biol 327: 455-465.
- Grant V (1981). In: Plant Speciation. Columbia University Press, New York.
- Gregory SR, Hernandez E, Savoy BR (1999). Cottonseed processing. In: Cotton: Origin, History, Technology and Production; Smith WC, Cothren JT (eds), pp: 793-819. John Wiley & Sons W, New York, EE. UU.
- Gridley HE (1974). Natural and artificial crossing in upland cotton at Namulongu, Uganda. Cotton Growing Review 51: 149-152.
- Guo W, Cai C, Wang C, Han Z, Song X, Wang K, Niu X, Wang C, Lu K, Shi B, Zhang T (2007). A microsatellite-based, gene-rich linkage map reveals genome structure, function, and evolution in *Gossypium*. Genetics 176: 527-541.
- Guo W, Cai C, Wang C, Zhao L, Wang L, Zhang T (2008a). A preliminary analysis of genome structure and composition in *Gossypium hirsutum*. BMC Genomics 9: 314.
- Guo Y, Saha S, Yu JZ, Jenkins JN, Kohel RJ, Scheffler BE, Stelly DM (2008b). BAC-derived SSR markers chromosome locations in cotton. Euphytica 161: 361.
- Gutierrez OA, Basu S, Saha S, Jenkins JN, Shoemaker DB, Cheatham CL, McCarty Jr JC (2002). Genetic distance among selected cotton genotypes and its relationship with F2 performance. Crop Sci 42: 1841-1847.
- Han ZG, Guo WZ, Song XL, Zhang TZ (2004). Genetic mapping of EST-derived microsatellites from the diploid *Gossypium arboreum* in allotetraploid cotton. Mol Genet Genomics 272(3): 308-327.
- Han ZG, Wang C, Song X, Guo W, Gou J, Li C, Chen X, Zhang T (2006a). Characteristics, development and mapping of *Gossypium hirsutum* derived EST-SSRs in allotetraploid cotton. Theor Appl Genet 112(3): 430-439.
- Han ZG, Chu Y, Guo W, Zhang T (2006b). Divergence and mapping of SNPs of the *FbL2A* gene for cotton fiber development. J Agric Biotechnol 14: 360-364.
- Harlan JR, de Wet JMJ (1971). Toward a Rational Classification of Cultivated Plants. Taxon 20 (4): 509-517.

- Hawkins JS, Pleassants J, Wendel JF (2005). Identification of AFLP Markers That Discriminate Between Cultivated Cotton and the Hawaiian Island Endemic, *Gossypium tomentosum* Nuttall ex Seeman. *Genet Resour Crop Ev* 52(8): 1069-1078.
- He DH, Lin ZX, Zhang XL, et al., (2007). QTL mapping for economic traits based on a dense genetic map of cotton with PCR-based markers using the interspecific cross of *Gossypium hirsutum* × *Gossypium barbadense*. *Euphytica* 153: 181.
- Hendrix B, Stewart JM (2005). Estimation of the nuclear DNA content of *gossypium* species. *Ann Bot (Lond)* 95: 789-797.
- Hinze LL, Fang DD, Gore MA, Scheffler BE, Yu JZ, Frelichowski J, Percy RG (2014). Molecular characterization of the *Gossypium* Diversity Reference Set of the US National Cotton Germplasm Collection. *Theor Appl Genet* DOI 10.1007/s00122-014-2431-7.
- Hinze LL, Hulse-Kemp AM, Wilson IW, Zhu QH, Llewellyn DJ, Taylor JM, Spriggs A, Fang DD, Ulloa M, Burke JJ, Giband M, Lacape JM et al., (2017). Diversity analysis of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) germplasm using the CottonSNP63K Array. *BMC Plant Biology* 17 (37): 1-20.
- Hopkins DL, Purcell AH (2002). *Xyella fastidiosa*: Cause of Pierce's disease of grapevine and other emergent diseases. *Plant Dis* 86: 1056-1066.
- Hörtensteiner S (2009). Stay-green regulates chlorophyll and chlorophyll-binding protein degradation during senescence. *Trends Plant Sci* 14(3): 155-162.
- Huang X, Yang S, Gong J, Zhao Y, Feng Q, et al. (2015). Genomic analysis of hybrid rice varieties reveals numerous superior alleles that contribute to heterosis. *Nature Commun.* 6, 6258.
- Hughs SE, Lalor WF (1986). The effect of cotton variety, genotype, and cleaning levels on cloth imperfections: a progress report. In: Brown JM (ed), pp: 26-36. *Proc. Beltwide Cotton Prod. Res. Conf. Natl Cotton Council Am., Memphis, TN, EE. UU.*
- Hutchinson JB, Silow RA, Stephens SG (1947). The evolution of *Gossypium* and the differentiation of the cultivated cottons. Oxford Univ. Press, London, UK.
- ICAC (2016a). Production and trade policies affecting the cotton industry. Secretariado del ICAC, Washington DC, USA. Informe web: https://www.icac.org/cotton_info/publications/statistics/stats_wtd/gm-e_2013.pdf [Acceso 12 febrero 2018].

- ICAC (2016b). Researchers Present Ways in Which to Reduce the Usage of Water in Cotton Production. Publicado 2 noviembre 2016. Nota de prensa: <https://www.icac.org/Press-Release/2016/PR-24-Researchers-Present-Ways-in-Which-to-Reduce> [Acceso 12 febrero 2018].
- ICAC (2017a). The European Union (EU) is now a member of the International Cotton Advisory Committee (ICAC). Publicado: 31 mayo 2017. Nota de prensa: <https://www.icac.org/Press-Release/2017/PR-17-17-The-European-Union-Joins-ICAC> [Acceso 12 febrero 2018].
- ICAC (2017b). Stable Global Stocks in 2017/18. Publicado: 1 septiembre 2017. Nota de prensa: <https://www.icac.org/Press-Release/2017/PR-30-17-Stable-Global-Stocks-in-2017-18>. [Acceso 12 febrero 2018].
- Iqbal M, Chang MA, Iqbal MZ, Hassan M, et al. (2003). Correlation and path co-efficient analysis of earliness and agronomic characters of upland cotton in Multan. Pak. J. Agron. 2: 160-168. <http://dx.doi.org/10.3923/ja.2003.160.168>
- Islam MS, Thyssen GN, Jenkins JN, Fang DD (2014). Detection, Validation, and Application of Genotyping-by-Sequencing Based Single Nucleotide Polymorphisms in Upland Cotton. The Plant Genome 8(1): 1-10.
- Ivanova B, Bojinov B (2009). Identification of QTLs for fiber quality in Bulgarian cotton breeding collection. Genetics and Breeding 38(2): 55-60.
- Ivanova B, Bojinov B (2012). Identification of QTLs for cotton fiber quality in a M5 mutant segregating population. Proc 11th Inter-Regional Cooperative Research Network on Cotton for the Mediterranean and Middle East Regions, Antalia (Turquía), 5-7 Nov.
- Jarvis DE, Ho YS, Lightfoot DJ, Schmöckel SM, Li B, Borm TJA, Ohyanagi H, Katsuhiko M, Craig TM et al., (2017). The genome of *Chenopodium quinoa*. Nature 542(7641): 307-312.
- Jenkins JN, McCarty JC, Parrott WL (1990). Effectiveness of Fruiting Sites in Cotton: Yield. Crop Sci 30: 365-369.
- Jenkins, J.N. (1993). Cotton. In: Traditional crop breeding practices: an historical review to serve as a baseline for assessing the role of modern biotechnology. Organisation for Economic Cooperation and Development (OECD) pp: 61-70.
- Ji SJ, Lu YC, Feng JX, Wei G, Li J, Shi YH, Fu Q, Liu D, Luo JC, Zhu YX (2003). Isolation and analyses of genes preferentially expressed during early cotton fiber development by subtractive PCR and cDNA array. Nucleic Acids Res 31: 2534-2543.

- Jia Y, Sun X, Sun J, Pan Z, Wang X, et al., (2014). Association Mapping for Epistasis and Environmental Interaction of Yield Traits in 323 Cotton Cultivars under 9 Different Environments. PLoS ONE 9(5): e95882. doi:10.1371/journal.pone.0095882
- Jiang CX, Wright RJ, El-Zik KM, Paterson AH (1998). Polyploid formation created unique avenues for response to selection in *Gossypium* (cotton). Proc Natl Acad Sci USA 95: 4419-4424.
- Jiang C, Chee P, Draye X, Morrell P, Smith C, Paterson A (2000). Multi-locus interactions restrict gene flow in advanced generation interspecific populations of polyploid *Gossypium* (cotton). Evolution 54: 798-814.
- John ME, Crow LJ (1992). Gene expression in cotton (*Gossypium hirsutum* L.) fiber: cloning of the mRNAs. Proc Natl Acad Sci USA 89: 5769-5773.
- Ju M, Wang HT, Wang LK, Li FF, Wu SJ, et al., (2009). Associated analysis between temporal and spatial expression of fiber development genes and fiber quality. Acta Agron Sin 35: 1217-1228.
- Junta de Andalucía (2005). Diagnóstico del sector algodonero andaluz. Consejería de Agricultura y Pesca. Documento web: <http://www.juntadeandalucia.es/export/drupaljda/1337163378algodon.pdf>
- Junta de Andalucía (2006). Red Andaluza de Experimentación Agraria (R.A.E.A.), Campaña Algodón 2006. Consejería de Agricultura y Pesca. Servicios de Publicación y Divulgación.
- Junta de Andalucía (2015). Estadísticas de Producción Integrada en Andalucía 2015. Consejería de Agricultura, Pesca y Desarrollo Rural. Website: http://www.juntadeandalucia.es/export/drupaljda/DATOS%20PI_2015.pdf
- Kakani VG, Reddy KR, Koti S, Wallace TP, Vara Prasad PV, Reddy VR, Zhao D (2005). Differences in in vitro pollen germination and pollen tube growth of cotton cultivars in response to high temperatures. Annals of Botany 96(1): 59-67.
- Kantartzi SK, Mauricio Ulloa M, Sacks E, Stewart JM (2009). Assessing genetic diversity in *Gossypium arboreum* L. cultivars using genomic and EST-derived microsatellites. Genetica 136: 141-147.
- Kantartzi SK (2013). Microsatellites: Methods and Protocols. In: Methods in Molecular Biology; Kantartzi SK (ed). Humana Press (Springer), New York, EE. UU.
- Katarki BH (1971). Varalaxmi - A high yielding hybrid cotton of quality. Indian Farming 21:35-36.

- Kaur S, Cogan NOI, Forster JW, Paull JG (2014). Assessment of genetic diversity in faba bean based on single nucleotide polymorphism. *Diversity* 6(1): 88-101.
- Kerby TA, Keeley M, Johnson S (1987). Growth and Development of Acala Cotton. University of California, Division of Agriculture and Natural Resources, Bulletin 1921.
- Kim HJ, Triplett BA (2001). Cotton fiber growth in planta and in vitro. Models for plant cell elongation and cell wall biogenesis. *Plant Physiol* 127: 1361-1366.
- Kumar KS, Nidagundi JM, Hosamani AC (2017). Estimation of Commercial Heterosis for Fiber Quality Traits in Cotton under Rainfed Conditions. *Int J Curr Microbiol App Sci* 6(4): 2145-2152.
- Kushanov FN, Pepper AE, Yu JZ, Buriev ZT, Shermatov SE, Saha S, Ulloa M, Jenkins JN, Abdulkarimov A, Abdurakhmonov I (2016). Development, genetic mapping and QTL association of cotton *PHYA*, *PHYB*, and *HY5*-specific CAPS and dCAPS markers. *BMC Genetics* 17(141): 1-11.
- Lacape JM, Dessauw D, Rajab M, Noyer JL, Hau B (2007). Microsatellite diversity in tetraploid *Gossypium* germplasm: assembling a highly informative genotyping set of cotton SSRs. *Mol Breeding* 19(1): 45-58.
- Lacape JM, Llewellyn D, Jacobs J, Arioli T, Becker D, Calhoun S, Al-Ghazi Y, Liu S, Palaï O, Georges S, et al., (2010). Meta-analysis of cotton fiber quality QTLs across diverse environments in a *Gossypium hirsutum* × *G. barbadense* RIL population. *BMC Plant Biology* 10(132): 1-24.
- Landivar JA, Benedict JH (1996). Monitoring system for the management of cotton growth and fruiting. Texas Agricultural Experiment Station Bulletin B02, College Station, TX.
- Lee JJ, Hassan OS, Gao W, Wei NE, Kohel RJ, Chen XY, Payton P, Sze SH, Stelly DM, Chen ZI (2006). Developmental and gene expression analysis of a cotton naked seed mutant. *Planta* 223: 418-432.
- Li XB, Fan XP, Wang XL, Cai L, Yang WC (2005). The cotton ACTIN1 gene is functionally expressed in fibers and participates in fiber elongation. *Plant Cell* 17: 859-875.
- Li X, Yuan D, Zhang J, Lin Z, Zhang X (2013a). Genetic mapping and characteristics of genes specifically or preferentially expressed during fiber development in cotton. *PLoS ONE* 8(1): e54444. doi:10.1371/journal.pone.0054444

- Li C, Wang X, Dong N, Zhao H, Xia Z, Wang R, Converse RL, Wang Q (2013b). QTL analysis for early-maturing traits in cotton using two upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) crosses. *Breeding Science* 63: 154-163.
- Little TM, Hills FJ (1987) Métodos estadísticos para la investigación en la Agricultura. Séptima reimpresión. Editorial Trillas, México D.F. 269 pp.
- Liu S, Saha S, Stelly D, Burr B, Cantrell RG (2000). Chromosomal assignment of microsatellite loci in cotton. *J Hered* 91(4): 326-32.
- Liu F, Zhou ZL, Wang CY, Wang YH, Cai XY, Wang XX, Zhang ZS, Wang KB (2015). Genetic diversity and relationship analysis of *Gossypium arboreum* accessions. *Genet Mol Res* 14(4): 14522-14529.
- Liu J, Wang Y, Zhao G, Zhao J, Du H, He X, Zhang H (2017). A novel *Gossypium barbadense* ERF transcription factor, *GbERFb*, regulation host response and resistance to *Verticillium dahliae* in tobacco. *Physiol Mol Biol Plants* 23(1): 125-134.
- Llewellyn D, Fitt G (1996). Pollen dispersal from two field trials of transgenic cotton in the Namoi valley, Australia. *Mol Breeding* 2: 157-166.
- Logan-Young CJ, Yu JZ, Verma SK, Percy RG, Pepper AE (2015). SNP discovery in complex allotetraploid genomes (*Gossypium* spp., malvaceae) using Genotyping by Sequencing. *Applications in Plant Sciences* 3(3).
- Mahan JR, Payton PR, Laza HE (2016). Seasonal Canopy Temperatures for Normal and Okra Leaf Cotton under Variable Irrigation in the Field. *Agriculture* 6(58): 1-17.
- Mahmood Z, Raheel F, Dasti AA, Shahzadi S, Athar M, Qayyum M (2009). Genetic diversity analysis of the species of *Gossypium* by using RAPD markers. *Afr J Biotechnol* 8(16): 3691-3697.
- Manickam S, Prakash AH (2016) Genetic Improvement of Cotton. *Gene Pool Diversity and Crop Improvement* (Ed. Rajpal VR, Rao SR, Raina SN). Springer, Suiza. 10: 105-161. doi: 10.1007/978-3-319-27096-8_4
- MAPAMA (1962). Anuario de Estadística Agraria: Plantas Textiles. Ministerio de Agricultura y Pesca, Alimentación y Medio Ambiente. pp: 293-308. Website: <http://www.mapama.gob.es/es/estadistica/temas/publicaciones/anuario-de-estadistica/>

- MAPAMA (2001). Anuario de Estadística Agraria. Ministerio de Agricultura y Pesca, Alimentación y Medio Ambiente. pp: 157. Website: <http://www.mapama.gob.es/es/estadistica/temas/publicaciones/anuario-de-estadistica/>
- MAPAMA (2008). La fibra extralarga de algodón, pasado y futuro ¿perspectivas en Andalucía?. En: Agricultura. Editorial Agrícola Española S.A. 909: 578-580. Documento web: http://www.mapama.gob.es/ministerio/pags/Biblioteca/Revistas/pdf_Agri%2FAgri_2008_909_completa.pdf [Acceso 12 Febrero 2018]
- MAPAMA (2016a). Evolución de la superficie y producción de algodón. Dirección general de producciones y mercados agrarios. Subdirección General de Cultivos Herbáceos e Industriales. Ministerio de Agricultura y Pesca, Alimentación y Medio Ambiente. Website: <http://www.mapama.gob.es/en/agricultura/temas/producciones-agricolas/cultivos-herbaceos/algodon/>. [Acceso 12 febrero 2018].
- MAPAMA (2016b). Encuesta sobre superficies y rendimientos de los cultivos. Resultados nacionales y autonómicos. Secretaría General Técnica. Subdirección General de Estadística. Catálogo de Publicaciones de la Administración General del Estado. Ministerio de Agricultura y Pesca, Alimentación y Medio Ambiente. Website: <http://www.mapama.gob.es/es/estadistica/temas/estadisticas-agrarias/agricultura/esyrce/>. [Acceso 12 febrero 2018].
- MAPAMA (2016c). Evolución de las exportaciones de fibra de algodón. Dirección general de producciones y mercados agrarios. Subdirección General de Cultivos Herbáceos e Industriales. Ministerio de Agricultura y Pesca, Alimentación y Medio Ambiente. Website: <http://www.mapama.gob.es/en/agricultura/temas/producciones-agricolas/cultivos-herbaceos/algodon/> [Acceso 12 Febrero 2018].
- MAPAMA (2017). Producción y superficies (Contenido web). Algodón. Cultivos herbáceos industriales. Producciones agrícolas. [Acceso 1 octubre 2017].
- MAPAMA-CHG (2017). Ministerio de Agricultura y Pesca, Alimentación y Medio Ambiente. Confederación Hidrográfica del Guadalquivir. Sevilla [contenido web actualizado: 30 Agosto 2017].
- Mauer FM (1954). Origin and Taxonomy of Cotton, In: Cotton, pp: 38. Academy of Sciences of USSR, Tashkent, Uzbekistan (en ruso).
- McCarty JC, Percy RG (2001). Genes from exotic germplasm and their use in cultivar improvement in *Gossypium hirsutum* L. and *G. barbadense* L. In: Genetic Improvement

- of Cotton; Jenkins JN, Saha S (eds), pp: 65–80. Emerging Technologies. Science Publishers Inc., Enfield, UK.
- McGregor SE (1976). Insect pollination of cultivated crop plants. USDA, Tucson, Arizona.
- Mei HX, Zhu XF, Zhang TZ (2013). Favorable QTL Alleles for Yield and Its Components Identified by Association Mapping in Chinese Upland Cotton Cultivars. PLOS ONE 8 (12):e82193 doi: 10.1371/journal.pone.0082193
- Meredith WR Jr, Bridge RR (1973). Natural crossing in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Crop Sci 13: 551-552.
- Meredith WR Jr. (1998). Continued progress for breeding for yield in the USA. pp: 97-101. Proc II Conference World Cotton Research, Atenas, Grecia, Sept 6-12.
- Mergeai G (2006). Introgressions interspécifiques chez le cotonnier. Cah Agric 15(1): 135-143 (artículo en francés con el abstract en inglés).
- Meyer VG (1975). Male sterility from *Gossypium harknessii*. Heredity 66: 23-27.
- Millás Vallicrosa JM, Aziman M (1955). Libro de Agricultura (Traducción en castellano de Ibn Bassal). Tetouan, Instituto Muley El Hassan.
- Mishra KK, Fougat RS (2013). Genetic relationship among different species of cotton as revealed by SSR markers for fiber quality traits. IJPAB 1(3):81-93.
- Mishra KK, Fougat RS, Ballani A (2013). Validation of fiber quality linked SSR markers derived from allotetraploid (*Gossypium hirsutum*) in diploid (*Gossypium arboreum*). IJSK 1(9): 349-357.
- Modaes (2017a). La organización mundial del algodón se refuerza con la Unión Europea. <https://www.modaes.es/entorno/la-organizacion-mundial-del-algodon-se-refuerza-con-la-union-europea.html>. Publicado el 1 junio 2017. [Acceso 31 enero 2018]
- Modaes (2017b). El algodón orgánico gana terreno y alcanza el 12% de la producción mundial. <https://www.modaes.es/entorno/el-algodon-organico-gana-terreno-y-alcanza-el-12-de-la-produccion-mundial.html>. Publicado el 14 agosto 2017. [Acceso 31 enero 2018]
- Moffet JO, Stith LS, Burkhart CC, Shipman CW (1975). Honey bee visits to cotton flowers. Environ Entomol 4: 203-206.

- Moffett JO, Stith LS, Burkhardt CC, Shipman CW (1976). Fluctuation of wild bee and wasp visits to cotton flowers. *Arizona Academy of Science* 11: 64-68.
- Moiana LD, Vidigal Filho PS, Gonçalves-Vidigal MC, Carvalho LP (2015). Genetic diversity and population structure of upland cotton Brazilian cultivars (*Gossypium hirsutum* L. race *latifolium* H.) using SSR markers. *Aust J Crop Sci* 9(2): 143-152.
- Moreno R, Espejo JA, Cabrera A, et al., (2006). Ploidic and Molecular Analysis of 'Morado de Huetor' Asparagus (*Asparagus officinale* L.) Population; A Spanish Tetraploid Landrace. *Genet Resour Crop Evol* 53(4): 729-736.
- Moresco ER, Farias F J C, Aguiar PH, Griodi-Papp II, Freire EC, Marques MF, de Souza MC (1999). Determination of the rate of allogamy in herbaceous cotton in the cerrado of Mato Grosso, In: *Anais II Congresso brasileiro de Algodao: O algodao no seculo XX perspectivas para o seculo XXI*, Ribeirao Preto, SP Brasil.
- Moulherat C, Tengberg M, Haquet JF, Mille B (2002). First evidence of cotton at Neolithic Mehrgarh, Pakistan: analysis of mineralized fibres from a copper bead. *J Archaeol Sci* 29: 1393-1401.
- Munir S, Hussain SB, Manzoor H, Quereshe MK, Zubair M, Nouman W, Shehzad AN, Rasul S, Manzoor SA (2016). Heterosis and correlation in interspecific and intraspecific hybrids of cotton. *Genetics and Molecular Research* 15(2): gmr.15028083.
- Nacoulima NL, Diouf HF, Konan ON, Mergeai G (2016). Production of New Cotton Interspecific Hybrids with Enhanced Fiber Fineness. *J Agri Sci* 8(2).
- Nguyen TB, Giband M, Brottier P, Risterucci AM, Lacape JM (2004). Wide coverage of the tetraploid cotton genome using newly developed microsatellite markers. *Theor Appl Genet* 109: 167-175.
- Nie X, Huang C, You C, Li W, Zhao W, Shen C, Zhang B, Wang H, Yan Z, Dai B, Wang M, Zhang X, Lin Z (2016). Genome-wide SSR-based association mapping for fiber quality in nationwide upland cotton inbred cultivars in China. *Genomics* 17: 352.
- Niles GA, Feaster CV (1984). Breeding. In: *Cotton*; Kohel RJ, Lewis CF (eds), *Agronomy Number* 24:201-231. American Society of Agronomy, Madison, WI, EE. UU.
- Noormohammadi Z, Farahani YH, Sheidai M, Ghasemzadeh-Baraki S, Alishah O (2013). Genetic diversity analysis in Opal cotton hybrids based on SSR, ISSR, and RAPD markers. *Genet Mol Res* 12(1): 256-269

- OECD/FAO (2015). OCDE-FAO Perspectivas Agrícolas 2015-2024, OECD Publishing, París. DOI:10.1787/agr_outlook-2015-es
- OGTR (2002). The biology and ecology of cotton (*Gossypium hirsutum*) in Australia. (documento online) Office of the gene technology regulator. Australian Government. Website: [http://www.ogtr.gov.au/internet/ogtr/publishing.nsf/Content/cotton-3/\\$FILE/biologycotton.pdf](http://www.ogtr.gov.au/internet/ogtr/publishing.nsf/Content/cotton-3/$FILE/biologycotton.pdf) [Acceso 19 de junio de 2017].
- Oosterhuis DM (1990). Growth and development of the cotton plant. In: Nitrogen nutrition in cotton: Practical Issues; Miley WN, Oosterhuis DM (eds). Proc Southern Branch Workshop for Practicing Agronomists. Madison, WI. Amer Soc Agron, pp: 1-24.
- Oosterhuis DM, Jernstedt J (1999). Morphology and anatomy of the cotton plant. In: Cotton: Origin, History, Technology and Production; Smith WC, Cothren JT (eds). John Wiley and Sons, Inc., New York, EE. UU. pp: 175-206.
- Outlook (2010). ELS Cotton in Spain by Mike Edward. In: World Long Staple Market. Imbalance of Supply and Demand; Ray Butler (ed). Cotton Outlook Special Feature, June 2010. Website: <https://www.cotlook.com/news/long-staple-updates/> [Acceso 24 de Julio 2017]
- Outlook (2016). Cotton Outlook Long Staple Update. 13th December 2016. Website: <https://www.cotlook.com/news/long-staple-updates/> [Acceso 24 de Julio 2017]
- Patel CT (1971). Hybrid 4 - A new hope towards self sufficiency in cotton in India. Cotton Development 1(2): 1-6.
- Patel JP, Fougat RS, Jadeja GC (2009). Genetic Diversity Analysis in some Elite Desi Cotton Cultivars of *Gossypium herbaceum* and *G. arboreum* and Genetic Purity Testing of Their Hybrids through Microsatellite Markers. International Journal of Plant Sciences 4(2): 464-470.
- Patel RN, Bhatt MM, Jadeja GC, Sasidharan N (2008). Study of heterosis for seed cotton yield and related characters in intra-specific (*Gossypium arboreum* L.) cotton hybrids. Asian Journal of Bio Science 3(2): 263-268.
- Paterson AH, Boman RK, Brown SM, Chee PW, Gannaway JR, Gingle AR, May OL, Smith CW (2004). Reducing the Genetic Vulnerability of Cotton. Crop Sci 44: 1900-1901.

- Paterson AH, Brubaker CL, Wendel JF (1993). A rapid method for extraction of cotton (*Gossypium* spp.) genomic DNA suitable for RFLP and PCR analysis. *Plant Mol Biol Rep* 11(2): 112-127.
- Paterson AH, Wendel JF, Gundlach H, Guo H, Jenkins J, Jin D, Llewellyn D, Showmaker KC, Shu S, Udall J, et al., (2012). Repeated polyploidization of *Gossypium* genomes and the evolution of spinnable cotton fibres. *Nature* 492: 423-427.
- Peláez-Andérica E, Rey F, López M, Gil J (2017). Genetic diversity and phylogenetic relationships of a potential cotton collection for European breeding research. *Turk J Bot* 42: 1-16. DOI: 10.3906/bot-1706-18
- Pellat C (1961). *Le Calendrier de Cordoue* (Traducción en francés de Arib ibn Sa'd), Leyde, Brill Archive.
- Percy RG, JF Wendel (1990). Allozyme evidence for the origin and diversification of *Gossypium barbadense* L. *Theor Appl Genet* 79: 529-542.
- Peterson GW, Dong Y, Horbach C, Fu YB (2014). Genotyping-By-Sequencing for Plant Genetic Diversity Analysis: A Lab Guide for SNP Genotyping. *Diversity* 6: 665-680.
- Ploetz RC, KG Pegg (1997). Fusarium wilt of banana and Wallace's line: Was the disease originally restricted to his Indo-Malayan region? *Australas. Plant Pathol* 26: 239-249.
- Poortavakoli S, Sheidai M, Alishah O, Noormohammadi Z (2017). Genetic diversity analysis in drought stress tolerant cottons. *Nucleus* 60(1): 57-62.
- Puckhaber LS, Stipanovic RD, Bell AA (1998). Kenaf Phytoalexin: Toxicity of o-Hibiscanone and Its Hydroquinone to the Plant Pathogens *Verticillium dahliae* and *Fusarium oxysporum* f. sp. *Vasinfestum*. *J Agric Food Chem* 46: 4744-4747.
- Quisenberry JE, Roark B, McMichael BL (1982). Use of transpiration decline curves to identify drought-tolerant cotton germplasm. *Crop Sci* 22: 918-922.
- Qureshi SN, Saha S, Kantety RV, Jenkins JN (2004). EST-SSR: A new class of genetic markers in cotton. *Journal of Cotton Science* 8: 112-123.
- Rahman H, Bibi A, Latif M (2005). Okra-leaf accessions of the upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.): genetic variability in agronomic and fibre traits. *J Appl Genet* 46(2): 149-55.

- Rajeev S, Patil SS, Ranganath HM, Srivalli P, Manjula SM, Pranesh KJ (2014). Genetic Diversity Analysis in Cotton (*Gossypium Hirsutum* L.) Based on Morphological Traits and Microsatellite Markers. IJBAB 1(1): 19-22.
- Rao GM, Nadre KR, Suryanarayana MC (1996). Studies on the utility of honey bees on production of foundation seed of cotton cv. NCMHH-20. Indian Bee Journal 58: 13-15.
- Rao VR, Hodgkin T (2002). Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic resources. Plant Cell Tissue Organ Cult 68: 1-19.
- Reddy OUK, Pepper AE, Abdurakhmonov I, Saha S, Jenkins JN, Brooks T, Bolek Y, El-Zik K (2001). New dinucleotide and trinucleotide microsatellite marker resources for cotton genome research. Journal of Cotton Science 5(2): 103-113.
- Rhodes J (2002). Cotton pollination by honey bees. Aust J Exp Agr 42: 513-518.
- Richmond TR (1951). Procedures and methods of cotton breeding with special reference to American cultivated species. Advances in Genetics 4: 213-245.
- Rungis D, Llewellyn D, Dennis ES, Lyon BR (2005). Simple Sequence Repeat (SSR) Markers Reveal Low Levels of Polymorphism Between Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Cultivars. Australian Journal of Agricultural Research 56(3): 301-307.
- Saeed S, Sajjad A, Kwon YJ (2012). Bumble beed (*Bombus terrestris*) can be the efficient pollinators of cotton crop. Pak Entomol 34(1): 17-20.
- Saha S, Stelly DM, Raska DA, Wu J, Jenkins JN, McCarty JC, Makamov A, Gotmare V, Abdurakhmonov IY, Campbell BT (2012). Chromosome Substitution Lines: Concept, Development and Utilization in the Genetic Improvement of Upland Cotton. In: Plant Breeding; Abdurakhmonov I (ed). InTech, Rijeka, Croacia.
- Sapkal DP, Sutar SR, Thakre PB, Patil BR, et al., (2011). Genetic diversity analysis of maintainer and restorer accessions in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). J Plant Biochem Biotechnol 20: 20-28.
- Schmutz J, Cannon S, Schlueter J, Ma J, Mitros T, Nelson W, Hyten D, Song Q, Thelen J, Cheng J, Xu D, Hellsten U, May G, et al., (2010). Genome sequence of the palaeopolyploid soybean. Nature 463 (7278): 178-183. DOI: 10.1038/nature08670
- Schnable P, Ware D, Fulton RS, et al., (2009). The B73 Maize Genome: Complexity, Diversity, and Dynamics. Science 326 (5956): 1112-1115.

- Serdy FS, Berberich S, Sharota E (1995). Petition for determination of non-regulated status Bollgard® cotton lines 757 and 7076 (*Gossypium hirsutum* L.) with the gene from *Bacillus thuringiensis* subsp. *kurstaki*. Monsanto Company, St. Louis, Mo.
- Shen XL, Guo WZ, Zhu ZF, Yuan YL, Yu JZ, Kohel RJ, Zhang TZ (2005). Molecular mapping of QTLs for fibre qualities in three diverse lines in upland cotton using SSR markers. *Mol Breed* 15: 169-181.
- Shen X, Guo WZ, Lu QX, Zhu XF, Yuan YL, et al., (2007). Genetic mapping of quantitative trait loci for fiber quality and yield trait by RIL approach in Upland cotton. *Euphytica* 155: 371-380.
- Shen X, Cao Z, Singh R, Lubbers EL, Xu P, Smith CW, Paterson AH, Chee PW (2011). Efficacy of qFL-chr1, a Quantitative Trait Locus for fiber length in cotton (*Gossypium* spp.) *Crop Sci* 51: 1-6.
- Shi YH, Zhu SW, Mao XZ, Feng JX, Qin YM, et al., (2006). Transcriptome profiling, molecular biological and physiological studies reveal a major role for ethylene in cotton fiber cell elongation. *Plant Cell* 18: 651-664.
- Shi Y, Zhang B, Liu A, Li W, Li J, Lu Q, Zhang Z, Li S, Gong W, Shang H, Gong J, Chen T, Ge Q, Wang T, Zhu H, Liu Z, Yuan Y (2016). Quantitative trait loci analysis of *Verticillium* wilt resistance in interspecific backcross populations of *Gossypium hirsutum* × *Gossypium barbadense*. *BMC Genomics* 17: 877.
- Singh RK, Chaudhary BD (1985). *Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis*. Kalyani Publishers, India, pp. 318.
- Singh Thinda H, Buttarb GS, Aujlab MS, Singh S, Sidhu BS (2012). Yield and water use efficiency of hybrid Bt cotton as affected by methods of sowing and rates of nitrogen under surface drip irrigation. *Arch Agron Soil Sci* 58 (2) : 199-211.
- Slane W (1965). *Description de l'Afrique septentrionale* (Traducción en francés de Al-Bakri). Paris, Maisonneuve et Larose, p. 142 y p. 164.
- Smith WC (1976). Natural cross-pollination of cotton. *Arkansas Farm Research* 25: 6.
- Smith WC, Cothren JT (1999). Production statistics. In: *Cotton: Origin, History, Technology and Production*; Smith WC, Cothren JT (eds), pp: 435-449. John Wiley & Sons W, New York, EE. UU.

- Soltis PS, Soltis DE (2000). The role of genetic and genomic attributes in the success of polyploids. *Proc Natl Acad Sci USA* 97: 7051–7057.
- Soomro AR, Nachnani GR, Soomro AW, Kalhor AD (1996). Heterosis for yield in tetraploid cotton hybrids and their reciprocals. *The Pak. Cotton* 40: 18-23.
- Sreenivasan S, Venketakrishnan K (2007). Cotton quality research needs: The Indian Perspectives. Model Training Course “Cultivation of long staple cotton,” Dec. 15-20, Central Institute for Cotton Research, Regional Station, Coimbatore. pp. 22-32.
- Stebbins GL (1950). In: *Variation and Evolution in Plants*. Columbia University Press, New York.
- Stebbins GL (1971). In: *Chromosomal Evolution in Higher Plants*. Edward Arnold, London, UK.
- Stelly DM, Lacape JM, Dessauw DEGA, Kohel R, Mergeai G, Saha S, Sanamyan M, Abdurakhmonov IY, Zhang T, Wang K, Zhou B, Frelichowski J (2007). International Genetic, Cytogenetic and Germplasm Resources for Cotton Genomics and Genetic Improvement. *Proceedings World Cotton Research Conference-4*, P. 2154, ISBN, Lubbock, TX, USA, Sep 10-14.
- Stephens SG, Finkner MD (1953). Natural crossing in cotton. *Econ Bot* 7(3): 257-269.
- Stephens SG (1958). Salt water tolerance of seeds of *Gossypium* species as a possible factor in seed dispersal. *Am Nat* 92: 83-92.
- Stephens SG (1966). The potential for long range oceanic dispersal of cotton seeds. *Am Nat* 100: 199-210.
- Stewart JM (1992). A new male sterility from *G. trilobum*. *Proc. Beltwide Cotton Conf.* 61, 610.
- Stewart JM (1995). Potential for crop improvement with exotic germplasm and genetic engineering. In: *Challenging the future*; Constable, Forrester NW (eds), pp: 313-327. CSIRO, Melbourne. *Proceedings of the World Cotton Research. Conference-I*. Brisbane, Australia, 14-17 Feb.
- Stewart JM, Craven LA, Brubaker CL, Wendel JF (2015). *Gossypium anapoides* (Malvaceae), a new species from Western Australia. *Novon* 23(4):447-451.
- Stracke R, Werber M, Weisshaar B (2001). The R2R3-MYB gene family in *Arabidopsis thaliana*. *Curr Opin Plant Biol* 4: 447-456.

- Sun Q, Jiang H, Zhu X, Wang W, He X, Shi Y, Yuan Y, Du X, Cai Y (2013). Analysis of sea-island cotton and upland cotton in response to *Verticillium dahliae* infection by RNA sequencing. BMC Genomics 14: 852.
- Sunilkumar G, Campbell LM, Puckhaber L, Stipanovic RD, Rathore KS (2006). Engineering cottonseed for use in human nutrition by tissue-specific reduction of toxic gossypol. Proc Natl Acad Sci USA. 103(48): 18054-18059.
- Surgun Y, Çöl B, Bürün B (2012). Genetic diversity and identification of some Turkish cotton genotypes (*Gossypium hirsutum* L.) by RAPD-PCR analysis. Turk J Biol 36 : 143-150.
- Suy TB (1979). Contribution of l'étude de la croissance des tubes polliniques chez *Gossypium hirsutum* L. en fonction des conditions du milieu. Coton et Fibres Tropicales 34: 295-300.
- Tatum LA (1971). The Southern corn leaf blight epidemic. Science 171: 1113-1116.
- Tay D (2002). Vegetable Hybrid Seed Production. In: Proceedings International Seed Seminar: Trade, Production and Technology; McDonald M, Contreras S (eds), pp: 128- 139. Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Departamento de Ciencias Vegetales. Santiago, Chile, 15-16 Oct.
- The Tomato Genome Consortium (2012). The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. Nature 485:635-641.
- Theron CC, van Staden WH (1975). Natural cross pollination of cotton at Uptington (Natuurlike kruisbestuiving van katoen te Uptington). Agroplantae 7: 91-92.
- Thomas H, Howarth CJ (2000). Five ways to stay green. J Exp Bot 51: 329-337.
- Tidke SA, Kiran S, Harke SN (2014). Analysis of Genetic Diversity in 20 Cotton Germplasm Lines Using Random Amplified Polymorphic DNA Marker. Asian J Plant Sci 13(4-8): 184-189.
- Ulloa M, Stewart JM, Garcia-C EA, Godoy-A S, Gaytan-M A, Acosta SN (2006). Cotton genetic resource in the western states of Mexico: *In situ* conservation status and germplasm collection for *ex situ* preservation. Genet Resour Crop Evol 53: 653-668.
- Umbeck P, Barton KA, Norheim EV, McCarty JC, Parrot WL, Jennings JC (1991). Degree of pollen dispersal by insects from a field test of genetically engineered cotton. J Econ Entomol 84: 1943-1950.
- UPOV (2001). Unión Internacional para la Protección de las Obtenciones Vegetales: Directrices para la ejecución del examen de la distinción, la homogeneidad y la estabilidad en

- algodón (*Gossypium* L.), Ginebra. Acceso 22 de marzo:
http://www.upov.int/edocs/mdocs/upov/es/tg/tg_88_5_proj.pdf
- USDA (2012). Cotton Policy Update 2012, Greece. Global Agricultural Information Network. USDA Foreign Agricultural Services. (Informe online). Website: https://gain.fas.usda.gov/Recent%20GAIN%20Publications/Cotton%20Policy%20Update%202012_Rome_Greece_12-13-2012.pdf. [Acceso 26 de junio de 2017]
- USDA (2017). Cotton: World Markets and Trade. Global Production, Consumption, Ending Stocks Raised. USDA Foreign Agricultural Services. (Informe online). Website: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/cotton.pdf> [Acceso 26 de Junio de 2017]
- Van Becelaere G, Lubbers EL, Paterson AH, Chee PW (2005). Pedigree- vs. DNA marker-based genetic similarity estimates in cotton. *Crop Sci* 45: 2281-2287.
- Van Esbroeck GA, Bowman DT (1998). Cotton germplasm diversity and its importance to cultivar development. *J Cot Sci* 2:121-129.
- Waghmare VN, Rong JK, Rogers CJ, Pierce GJ, Wendel JF, Paterson A (2005). Genetic mapping of a cross between *Gossypium hirsutum* (cotton) and the Hawaiian endemic, *Gossypium tomentosum*. *Theor Appl Genet* 111:665-676.
- Wallace TP, Bowman DT, Campbell BT, Chee P, Gutierrez OA, Kohel RJ, McCarty J, Myers G, Percy R, Robinson F, Smith W, Stelly DM, Stewart JM, Thaxton P, Ulloa M, Weaver DB (2009). Status of the USA cotton germplasm collection and crop vulnerability. *Genet Resour Crop Evol* 56: 507-532.
- Wang PZ, Han ZG, Zhang T (2004). EST-SSR Based Genetic Diversity Assessment of Xinjiang Cultivars in Upland Cotton. *Journal of Genetics and Molecular Biology* 15(3-4): 171-181.
- Wang X, Ma J, Yang S, Zhang G, Ma Z (2007a). Assessment of genetic diversity among Chinese upland cottons with *Fusarium* and/or *Verticillium* wilts resistance by AFLP and SSR markers. *Front Agric China* 1: 129135.
- Wang XF, Zhen R, Ma ZY, Zhang GY, Zhang Y, Wang X (2007b). Verification and cloning of SSR marker linked with the gene of *Verticillium* wilt resistance in *Gossypium barbadense* L. *J Plant Genet Resour* 8: 149-152.
- Wendel JF, Olson PD, Stewart J (1989). Genetic diversity, introgression, and independent domestication of Old World cultivated cottons. *Am J Bot* 76: 1795-1806.

- Wendel JF, Percival AE (1990). Molecular divergence in the Galapagos Island–Baja California species pair *Gossypium klotzschianum* and *G. davidsonii* (Malvaceae). *Plant Syst Evol* 171: 99-115.
- Wendel JF, Percy RG (1990). Allozyme diversity and introgression in the Galapagos endemic *Gossypium darwinii* and its relationship to continental *G. barbadense*. *Biochem Syst Ecol* 18: 517-528.
- Wendel JF, Brubaker CL, Percival AE (1992). Genetic Diversity in *Gossypium hirsutum* and the Origin of Upland Cotton. *American Journal of Botany* 79(11): 1291-1310.
- Wendel JF, Rowley R, Stewart JM (1994). Genetic Diversity in and Phylogenetic relationships of Brazilian Endemic Cotton, *Gossypium mustelinum* (Malvaceae). *Plant Syst Evol* 192(1-2): 49-50.
- Wendel JF, Schnabel A, Seelanan T (1995). An unusual ribosomal DNA sequence from *Gossypium gossypoides* reveals ancient, cryptic, intergenomic introgression. *Mol Phyl Evol* 4: 298-313.
- Wendel JF, Cronn RC (2003). Polyploidy and the evolutionary history of cotton. *Advances in Agronomy*. Academic Press, 78: 139-186.
- Wendel JF, Grover CE (2015). Taxonomy and Evolution of the Cotton Genus, *Gossypium*. In: Cotton. 2nd; Fang DD, Percy RG (eds), pp: 1-20. *Agronomy Monograph* 57, Madison, EE. UU.
- Westengen OT, Huaman Z, Heum M (2005). Genetic Diversity and Geographic Pattern in Early South American Cotton Domestication. *Theor Appl Genet* 110(2): 392-402.
- Wilhelm S, Sagen JE, Tietz H (1974a). *Gossypium hirsutum* subsp. *mexicanum* var *nervosum*, Leningrad strain—a source of resistance to *Verticillium* wilt. *Phytopathology* 64: 931-939.
- Wilhelm S, Sagen JE, Tietz H (1974b). Resistance to *Verticillium* wilt in cotton: sources, techniques of identification, inheritance trends, and resistance potential of multiline cultivars. *Phytopathology* 64: 924-931.
- Wilkins TA, Arpat AB (2005). The cotton fiber transcriptome. *Physiol Plant*. 124: 295-300.
- Williams M, Farnie N (1992). Cotton Mills in Greater Manchester. Carnegie Publishing, Pp: 14.

- Worley S, Culp TW and Harrel DC (1974). The relative contribution of yield components to yield in upland cotton *Gossypium hirsutum*. *Euphytica* 23: 399-403. <http://dx.doi.org/10.1007/BF00035885>
- Wu Y, Machado AC, White RG, Llewellyn DJ, Dennis ES (2006). Expression profiling identifies genes expressed early during lint fibre initiation in cotton. *Plant Cell Physiol* 47: 107-127.
- Xu Z, Kohel RJ, Song G, Cho J, Alabady M, et al., (2008). Gene-rich islands for fiber development in the cotton genome. *Genomics* 92: 173-183.
- Xu L, Zhou LF, Tu LL, Lin ZX, Yuan DJ, Jin L, Zhang XL (2011). Lignin metabolism has a central role in the resistance of cotton to the wilt fungus *Verticillium dahliae* as revealed by RNA-Seq-dependent transcriptional analysis and histochemistry. *J Exp Bot* 15: 5607-5621.
- Yang SS, Cheung F, Lee JJ, Ha M, Wei NE, Sze SH, Stelly DM, Thaxton P, Triplett B, Town CD, Chen ZJ (2006). Accumulation of genome-specific transcripts, transcription factors and phytohormonal regulators during early stages of fiber cell development in allotetraploid cotton. *Plant J* 47: 761-775.
- Yu JZ, Kohel RJ, Dong RJ (2002). Development of integrative SSR markers from TM-1 BACs. Proc Beltwide Cotton Improvement conference by National Cotton Council of America, Atlanta (USA). Jan 8-12, CD-Rom.
- Yu JZ (2004). A standard panel of *Gossypium* genotypes established for systematic characterization of cotton microsatellite markers. *Plant Breeding News Ed.* 148(1.07).
- Yu J, et al., (2005). The genomes of *Oryza sativa*: A history of duplications. *PLoS Biol.* 3, e38
- Yu JW, Yu SX, Lu CR, Wang W, Fan SL, Song MZ, Lin ZX, Zhang XL, Zhang JF, Wu W (2007). High-density Linkage Map of Cultivated Allotetraploid Cotton Based on SSR, TRAP, SRAP and AFLP Markers. *J Integr Plant Biol* 49(5): 716-724.
- Yu JZ, Fang DD, Kohel RJ, Ulloa M, Hinze LL, Percy RG, Zhang J, Chee P, Scheffler BE, Jones DC (2012a). Development of a core set of SSR markers for the characterization of *Gossypium* germplasm. *Euphytica* 187(2): 203-213.
- Yu JZ, Kohel RJ, Fang DD, Cho J, Van Deynze A, Ulloa M, Hoffman SM, Pepper AE, Stelly DM, Jenkins JN, Saha S, Kumpatla SP, Shah MR, Hugie WV, Percy RG (2012b). A high-density simple sequence repeat and single nucleotide polymorphism genetic map of the tetraploid cotton genome. *G3 (Bethesda)* 2:43-58.

- Zeng L and Wu J (2012). Germplasm for genetic improvement of lint yield in Upland cotton: Genetic analysis of lint yield with yield components. *Euphytica* 187: 247-261. <http://dx.doi.org/10.1007/s10681-012-0708-y>
- Zeng L, Pettigrew WT (2015). Combining ability, heritability, and genotypic correlations for lint yield and fiber quality of Upland cotton in delayed planting. *Field Crops Research* 171: 176-183.
- Zhang Y, Zhu Y, Guo W, Zhang T (2008). Cloning, characterization and mapping of two genes *GhSAMS* and *GhNLP* related with fiber development in *Gossypium hirsutum* L. *Sci Agric Sin* 41: 2581-2588.
- Zhang Y, Wang XF, Li ZK, Zhang GY, Ma ZY (2011). Assessing genetic diversity of cotton cultivars using genomic and newly developed expressed sequence tag-derived microsatellite markers. *Genet Mol Res* 10(3): 1462-1470.
- Zhang JF, Sanogo S, Flynn R, Baral JB, Bajaj S, Hughs SE, Percy RG (2012). Germplasm evaluation and transfer of *Verticillium* wilt resistance from Pima (*Gossypium barbadense*) to upland cotton (*G. hirsutum*). *Euphytica* 187:147-60.
- Zhang JF, Fang H, Zhou HP, Sanogo S, Ma ZY (2014). Genetics, breeding, and marker-assisted selection for *Verticillium* wilt resistance in cotton. *Crop Sci* 54: 1-15.
- Zhang Y, Wang X, Rong W, Yang J, Li Z, Wu L, Zhang G, Ma Z (2017). Histochemical analyses reveal that stronger intrinsic defenses in *Gossypium barbadense* than in *G. hirsutum* are associated with resistance to *Verticillium dahliae*. *Mol Plant Microbe Interact*. (Accepted) doi: 10.1094/MPMI-03-17-0067-R.
- Zhao Y, Wang H, Chen W, Li Y (2014). Genetic structure, linkage disequilibrium and association mapping of *Verticillium* wilt resistance in elite cotton (*Gossypium hirsutum* L.) germplasm population. *PLoS ONE* 9(1): e86308.
- Zhao Y, Wang H, Chen W, Li Y, Gong H, Sang X, Huo F, Zeng F (2015). Genetic diversity and population structure of elite cotton (*Gossypium hirsutum* L.) germplasm revealed by SSR markers. *Plant Syst Evol* 301(1): 327-336.
- Zhao Y, Wang H, Chen W, Zhao P, Gong H, Sang X, Cui Y (2017). Regional association analysis-based fine mapping of three clustered QTL for *verticillium* wilt resistance in cotton (*G. hirsutum* L.). *BMC Genomics* 18 (661): 1-12.

- Zhou H, Fang H, Sanogo S, Flynn RP, Gore MA, Zhang J (2011). Segregation analysis of *Verticillium* wilt resistance in fourteen *Gossypium hirsutum* × *Gossypium barbadense* hybrids. Proc. Beltwide Cotton Conf., San Antonio, TX (USA), 7-10 Ene.
- Zhou HP, Fang H, Sanogo S, Hughs SE, Jones DC, Zhang JF (2014). Evaluation of *Verticillium* wilt resistance in commercial cultivars and advanced breeding lines of cotton. *Euphytica* 196: 437-448.
- Zohary D, Hopf M (2000). Domestication of plants. In: the Old World: the origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe, and the Nile Valley. 3rd edn. Oxford University Press, Oxford.



Anexos

ANEXO I. Información previa sobre los 62 marcadores SSR finalmente utilizados en el estudio de diversidad. En primer lugar, se muestra el motivo repetitivo de cada marcador, las secuencias de sus cebadores, origen de la publicación, naturaleza y posición del marcador (Locus, cromosoma y distancia genética en centimorgan cM), según distintos mapas genéticos (cmap) consultados (www.cottonopen.org/). Finalmente se muestran las condiciones de optimización de cada reacción de PCR, indicándose el triplex (Tx.) que contiene al marcador, el fluorocromo usado (FAM, HEX o NED) (Label), la temperatura de anillamiento (Tª anl.) y la concentración final de MgCl₂ (Mg)

SSR	Motif.	Forward (5'–3')	Reverse (5'–3')	Fuente Original	SSR tipo	Especie	Publicació n	Cmap	Locus (cM)	Nº Crom.	Tx.	Lab el	Tª anl.	Mg
1 BNL0387	(AG)15	GAAGGGGAATTAT AGCGGG	AGAGACTCCCGCA CTTGAAA	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómico	G. hirsutum	Liu et al., 2000	Yu 2012	A8(55,645)/ D8(30,31)	8/24	10	FA M	58	2,5
2 BNL0530	(GA)10	CGTAGAGTGGAAC GAAAGC	GCCACACTTTTCC CTCTCAA	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómico	G. hirsutum	Liu et al., 2000	Guo 2008ª	A4(67,344)	4	18	HEX	55	2,5
3 BNL0569	(AG)20	TTGAGAAGTACTAC CATTAATTATCCA	GACTGATGCCAGT TGACCCCT	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómico	G. hirsutum	Liu et al., 2000	Yu 2012	A13(88,63)/ D13(60,359)	13/18	15	HEX	55	2,5
4 BNL1122	(AG)16	TCGATAACGGCTAT AGTAATCTCTC	CAACAAATAAGCA GCCAAGAAA	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómico	G. hirsutum	Liu et al., 2000	Guo 2008ª	D7(89,00)	16	2	HEX	55	2,5
5 BNL1227	(AG)15	CATCAAGATCTATCT CTCTCTATACCG	TTTACCCTCCGAT CTCAACG	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómico	G. hirsutum	Liu et al., 2000	Guo 2008ª	D12(48,302)	26	5	FA M	55	2,5
6 BNL1423	(AG)12	AAAAACCAATTGCCT CCAAA	CTCTCTAACGATCA ATGGGGA	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómico	G. hirsutum	Liu et al., 2000	Yu 2012	A9(113,255)	9	1	NED	55	2,5
7 BNL1521	(AG)26	TGAAGAAAGAAAA GAGAAAGGG	CTCACCACGTGGC ACTTATG	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómico	G. hirsutum	Liu et al., 2000	Guo 2008ª	D8(73,48)	24	5	NED	55	2,5
8 BNL1531	(AG)14	CTGCAACAAGAGCC TGTGTC	ATGGAGATTGGCT GAGATGG	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómico	G. hirsutum	Liu et al., 2000	Yu 2012	A7(43,29)/ D7(37,90)	7/16	12	HEX	55	3

ANEXO I. Continuación.

Marcad or	Repetic .	Forward (5'–3')	Reverse (5'–3')	Fuente Original	SSR tipo	Especie	SSR Publicac ión	Cmap	Locus (cM)	Nº Crom os.	Tx.	Lab el	Tª anl.	Mg
9	BNL155 1	(AG)22	CGCAAGCCACCTGTA AAAC	TCGAAATTTTCTCT CTCTCTCTCTCT	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i> Liu et al., 2000	Guo 2008a	D11(63,38)	21	6	HEX	55	2,5
10	BNL167 2	(AG)14	TGGATTTGTCCCTCTG TGTG	AACCAACTTTTCC AACACCG	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i> Liu et al., 2000	Guo 2008a	A9(60,015)/ D9(70,92)	9/23	21	FA M	58	3
11	BNL189 7	TA+GA	TAAAGAAGATTGA GATGACATTATG	ATTGTACTTAGA TGTGCCAAATG	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i> Liu et al., 2000	Guo 2008a	A2(41,94)	2	6	FA M	55	3
12	BNL249 5	(AG)14. (TC)14	ACCGCATTACTGGA CAAG	AATGGAATTTGA ACCCATGC	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i> Liu et al., 2000	Guo 2008a	D12(73,35)	26	9	HEX	55	2
13	BNL254 4	(AG)11	GCCGAAACTAAAACG TCAA	TCCTTACTCACTA AGCAGCCG	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i> Liu et al., 2000	Guo 2008a	D13(94,59)	18	2	NE D	55	3
14	BNL257 0	(GA)13	TTCTACAAAAAAGA AAAAATGGG	AAATACGGATGG GACCAACC	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i> Liu et al., 2000	Guo 2008a	D10(45,18)	20	21	FA M	55	2,5
15	BNL257 2	(GA)23	GTCCTATTACTAAAAT TGTTAATTTAGCC	CGATGTTAAATC AATCAGGTCA	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i> Liu et al., 2000	Guo 2008a	A4(93,7)	4	9	FA M	55	3
16	BNL292 1	(AG)10	CGAGAGATTTTAAAG GGAACA	GGGAGTGGTCTG ATGGAAAA	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i> Liu et al., 2000	Guo 2008a	A1(71,545)	1	3	FA M	55	2
17	BNL309 0	(AG)31	GAAATCATTGGAAGA ACATATACTACA	TTGTCCTCGTATTT TCCAGCT	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i> Liu et al., 2000	Guo 2008a	A1(63,465)/ D1(54,70)	15	7	FA M	55	2,5

ANEXO I. Continuación.

Marca dor	Repetic.	Forward (5'–3')	Reverse (5'–3')	Fuente Original	SSR tipo	Especie	SSR Publicación	Cmap	Locus (cM)	Nº Cromos	Tx.	Lab el	Tª anl.	Mg
18	BNL32 55	(GC)6AT(AC)14	GACAGTCAAAAC AGAACAGATAT GC	TTACACGACTTGTT CCCACG	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i>	Liu et al., 2000	Guo 2008a	A8(51,161)	8	NE D	55	2,5
19	BNL32 57	(AC)13+(AT)10	CAATCTGGGATC AAAAAAACC	GGTGAACATAGC GTGTTGC	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i>	Liu et al., 2000	Guo 2008a	A8(69,707)	8	FA M	55	2,5
20	BNL33 08	(GA)10	TTCCCTCTGCTTG TCAAAAAC	GCAAGTCTCGTTG GGAAAAA	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i>	Liu et al., 2000	Guo 2008a	A7(88,989)	7	NE D	55	2,5
21	BNL34 08	(GT)2AT(GT)12	ATCCAAACCATT GCACCACT	GTGTACGTTGAGA AGTCATCTGC	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i>	Liu et al., 2000	Yu 2012	A3(94,677)/ D3(100,34)	3/17	HEX	55	2,5
22	BNL34 74	(CA)16	AAGGTAATGCA GTGCGGTTT	ATAATGGCATTGA TTATAGAGTGTG	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i>	Liu et al., 2000	Guo 2008a	A8(79,31)/ D8(92,40)/ D8(97,039)	8/24	NE D	55	2,5
23	BNL35 45	(CA)10	AGTCAGTTTTT GTTAGCAATATG C	AACCAATTAAATCCC TATTTAACCG	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i>	Liu et al., 2000	Yu 2012	A2(117,49)/ D2(118,87)	2/14	NE D	58	2,5
24	BNL35 63	(CA)13(TA)4	AAGCATAAACTT GACACAAGCC	AATGGCAAGAAA AGGGAAC	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i>	Liu et al., 2000	Guo 2008a	A10(72,15)	10	FA M	55	3
25	BNL35 80	(AC)15	CTTGTTTACATT CCCTCTTTATAC C	CAAAGCGAACTC TTCCAAA	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i>	Liu et al., 2000	Guo 2008a	A1(49,03)	1	NE D	55	2,5
26	BNL35 90	(CA)20	TCTTCCCTCTCTT TCTCTTTTCG	ACACGGAAGACCA ACCAAGT	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	<i>G. hirsutum</i>	Liu et al., 2000	Guo 2008a	A2(50,676)/ D3(17,772)/ D3(4,804)	17	NE D	55	2,5

ANEXO I. Continuación.

Marcador	Repetic.	Forward (5'–3')	Reverse (5'–3')	Fuente Original	SSR tipo	Especie	SSR Publicación	Cmap	Locus (cM)	Nº Cromos.	Tx.	Lab el	Tª anl.	Mg
27	BNL359 4	(TC)37 AGGATTTTGAT TGTTGTGC	TGAATTCAAAAC AAATGTTAGCC	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	G. hirsutum	Liu et al., 2000	Guo 2008a	A6(6,76)/ D6(0)	6/25	16	HEX	58	2,5
28	BNL399 2	(TC)26. (GA)26 CAGAAGAGGAG GAGGTGGAG	TGCCAATGATGG AAAACCTCA	Brookhaven National Laboratory (USA)	Genómi co	G. hirsutum	Liu et al., 2000	Guo 2008a	A5(95,804)	5	20	HEX	58	2,5
29	CIR0105	(AC)9 GTCTCTTGCTTT CTTTCTTAC	AACCAAACTGAA CCCA	CIRAD, Montpellier (France)	Genómi co	G. hirsutum	Nguyen et al., 2004	Yu 2012	D1(16,31)	15	4	NED	55	2,5
30	CIR0165	(AC)13 ATAAGTGGAGAC AGGCA	GACCAGCACAGG AAAC	CIRAD, Montpellier (France)	Genómi co	G. hirsutum	Nguyen et al., 2004	Yu 2012	A5(22,32)/ D5(22,99)	5/19	14	NED	55	2,5
31	CIR0169	(AC)8 GAAGCACAAATAA GGCAA	CAAAACAAGCGAT GAAAC	CIRAD, Montpellier (France)	Genómi co	G. hirsutum	Nguyen et al., 2004	Yu 2012	A7(57,28)	7	17	HEX	55	2,5
32	CIR0203	(TG)11(N) 1(TG)5 AGTTCAAGGGCA CAAA	ATCTCCAAGTCC CACC	CIRAD, Montpellier (France)	Genómi co	G. hirsutum	Nguyen et al., 2004	Guo 2008a	A6(123,61)	6	14	FA M	52	2,5
33	CIR0246	(TG)6 TTAGGGTTTAGT TGAATGG	ATGAACACACGCG ACG	CIRAD, Montpellier (France)	Genómi co	G. hirsutum	Nguyen et al., 2004	Guo 2008a	D2(112,572)	14	18	NED	55	3
34	CIR0413	(CA)33 TTAAAGCTCACA CACACA	CAACAGTAACGA AGAAACAAT	CIRAD, Montpellier (France)	Genómi co	G. hirsutum	Nguyen et al., 2004	Guo 2008a	D5(127,86)/ D6(56,11)/ D8(120,22)	19/25/2 4	10	HEX	58	2,5
35	JESPR00 56	(GAA)23 CCAGTTAGCAC AATTAGG	CCACAATAACAC ACTGGAATC	Texas A&M University and USDA-ARS (MS, USA)	Genómi co	G. hirsutum	Reddy et al., 2001	Guo 2008a	A1(62,1)/ D10(60,42)/ D13(56,88)	1/20/18	12	NED	55	2,5
36	JESPR01 27	(GA)9AA(GA)5 GATTGGGTAAC ATTGGCTC	CTGCAGTGTGT GTTGGGTAGA	Texas A&M University and USDA-ARS (MS, USA)	Genómi co	G. hirsutum	Reddy et al., 2001	Guo 2008a	D8(97,939)	24	17	FA M	55	2,5
37	JESPR01 52	(GAA)50 GATGCACCAGAT CCTTTTATTAG	GGTACATCGAA TCACAGTG	Texas A&M University and USDA-ARS (MS, USA)	Genómi co	G. hirsutum	Reddy et al., 2001	Guo 2008a	D1(104,91)	15	21	NED	55	2,5

ANEXO I. Continuación.

Marcadador	Repetic.	Forward (5'→3')	Reverse (5'→3')	Fuente Original	SSR tipo	Especie	SSR Publicació n	Cmap	Locus (cM)	Nº Cro mo	Tx.	Lab el	Tª anl.	Mg
38	JESPR0153	(CTA)18	GATTACCTTCATA GGCCACTG	GAATCATGAGC ATCCTGTG	Texas A&M University and USDA-ARS (MS, USA)	Genómico o	G. <i>hirsutum</i>	Guo 2008a	A13(63,046)/ D13(65,823)	13/ 18	16	FA M	58	2,5
39	JESPR0208	(CT)15	CGCAACCAACAT ATACCTTCACAC	CCCTTTCCATCCA TAGAACG	Texas A&M University and USDA-ARS (MS, USA)	Genómico o	G. <i>hirsutum</i>	Guo 2008a	A9(96,388)/ D9(119,133)	9/2 3	13	HEX	58	2,5
40	JESPR0220	(GA)20	CGAGGAAGAAAT GAGGTTGG	CTAAGAACCAAC ATGTGAGACC	Texas A&M University and USDA-ARS (MS, USA)	Genómico o	G. <i>hirsutum</i>	Guo 2008a	D4(102,491)	22	17	NED	58	2,5
41	JESPR0274	(CA)13	GCCCACTCTTTCTT CAACAC	TGATGTCATGTG CCTTGC	Texas A&M University and USDA-ARS (MS, USA)	Genómico o	G. <i>hirsutum</i>	Guo 2008a	A9(14,968)/ A9(42,802)/ D9(52,97)	9/9 /23	1	FA M	55	2
42	MGHES00 31	(CAT)9	AAGTTAGGGGCTT CTTGTTGG	GGGTCAGAACTG GACAAGGA	USDA-ARS, Starkville (MS, USA)	EST- 74%fibra	G. <i>hirsutum</i>	Yu 2007	D12(87,5)	26	6	NED	55	2
43	MGHES00 55	(CAT)5	CGAACCCCTAGCTT TCAATCG	CGGCTTCAATTG TACGGTCT	USDA-ARS, Starkville (MS, USA)	EST- 74%fibra	G. <i>hirsutum</i>	Qureshi et al., 2004	-	-	15	FA M	55	2,5
44	NAU0905	(AAT)17	TGGCTGAACCTTTG CAATTTA	AAGCAAGGGAG GTAATCCTT	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>arboreum</i>	Guo 2008a	A6(60,245)/ D6(51,415)	6/2 5	19	HEX	55	2,5
45	NAU0934	(TC)11	TGCTTTGCTATCC TTTTTCC	ATTAGAGAAGCC AGGAGGT	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>arboreum</i>	Guo 2008a	A5(186,59)	5	20	FA M	55	2,5
46	NAU0943	(AAT)20	ATCTGTTCAATTT CTCGTCA	CAGTTGTTGGTT GATCTGGA	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>arboreum</i>	Guo 2008a	A12(84,933)	12	20	NED	58	2,5
47	NAU0998	(TCATG)4	CTCTCTCTCACAC ACGCACT	CTGGCCAAAGTGA CACAAATTA	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>arboreum</i>	Guo 2008a	D2(48,11)	14	14	HEX	55	2,5
48	NAU1042	(TCAGGC) 4	CATGCAAAATCCAT GCTAGAG	GGTTTCTTTGGT GGTGAAC	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>arboreum</i>	Guo 2008a	A5(46,74)/ D5(70,123)/ D5(56,1)	5/1 9/1 9	3	HEX	55	2,5

ANEXO I. Continuación.

Marcad or	Repetic.	Forward (5'→3')	Reverse (5'→3')	Fuente Original	SSR tipo	Especie	SSR Publicación	Cmap	Locus (cM)	Nº Cromos.	Tx.	Lab el	Tª anl.	Mg
49	NAU104 3	(TTC)14	GTATCCGCCAC AAATAAG	GCATCGTGAG AGAAAGTGAA	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>arboreum</i>	Han et al., 2004	Shen 2007	A7	19	FA M	55	2,5
50	NAU107 0	(AGG)10	CCCTCCATAACC AAAAGTTG	ACCAACAATG GTGACCTCTT	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>arboreum</i>	Han et al., 2004	Guo 2008a	A3(50,113)/ D2(12,779)	4	HEX	55	2,5
51	NAU116 2	(CAG)6	CTGAGTGAGCCA TGAAGTTG	TTCGGCTTCTG CTTTTACTT	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>arboreum</i>	Han et al., 2004	Guo 2008a	A11(99,95)	1	HEX	55	3
52	NAU116 7	(GATAGG)4	CTGACTTGGACC GAGAACTT	AAGAGCCCTG GACAAATGATA	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>arboreum</i>	Han et al., 2004	Guo 2008a	A3(105,33)	3	FA M	55	2,5
53	NAU120 0	(CAG)11	CAACAGCAACAA CCACAA	CTGCCTCGAG GACAAATAGT	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>arboreum</i>	Han et al., 2004	Shen 2007	A5(16,6)	5	NED	55	2,5
54	NAU122 1	(TCAAGG)5	CATGCAAAATCCA TGCTAGAG	AGGTTTCTTTG GTGGTGAAA	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>arboreum</i>	Han et al., 2004	Guo 2008a	D5(69,644)	8	FA M	55	2,5
55	NAU132 2	(CATCTG)3	CTCCAATCGAAT GATTTT	GGTAGGGTTT TGGAGGTTTT	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>arboreum</i>	Han et al., 2004	Guo 2008a	D8(89,78)	8	HEX	55	2,5
56	NAU250 8	(TGGGGT)5	TGGAGGAGGGT GTAACATCT	GGCATTCAAG GAGATGAGTT	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>hirsutum</i>	Han et al., 2006	Guo 2008a	A10(126,83)	10	HEX	55	2,5
57	NAU264 9	(TTG)5	GGTGAACCTTC TCGTTGCT	ATGGCTTCACT TTCTCTCCA	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>raimondii</i>	Guo et al., 2007	Guo 2008a	D3(28,51)	13	FA M	55	2,5
58	NAU334 1	(ATAC)5	TTTGATACCAACC ATCACAG	CAGCCATGGA TATGTTTCAG	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>raimondii</i>	Guo et al., 2007	Guo 2008a	A11(150,43)/ D11(159,149)	2	FA M	55	2,5
59	NAU377 0	(TA)6CAT(G T)9	GCAGAAACCTCG AATCTTGT	AACCCAGCAA ATTCAATCAT	Nanjing Agricultural University (China)	EST	G. <i>raimondii</i>	Guo et al., 2007	Guo 2008a	A11(17,846)	11	NED	55	2,5

ANEXO I. Continuación.

	Marcad or	Repetic.	Forward (5'–3')	Reverse (5'–3')	Fuente Original	SSR tipo	Especie	SSR Publicación	Cmap	Locus (cM)	Nº Cromos.	Tx.	Lab el	Tª anl.	Mg
60	NAU663 4	TAT(15)	TGCCTTATATACC CCATTTTTC	CAGACTTCAAAA TAGGCTTATGG	Nanjing Agricultural University (China)	BAC	<i>G. hirsutum</i>	Guo et al., 2008b	Guo 2008a	D7(74,854)/ D3(33,495)	17/16	12	FA M	55	2,5
61	TMB036 6	(GA)17+ (CA)8	GAGCCCACCAT ATCACTCC	GGTGGTCATGTG AGAGAGGA	USDA-ARS, College Station (TX, USA)	BAC	<i>G. hirsutum</i>	Yu et al., 2002; He et al., 2007	He 2007	D5 (69,0)	19	9	NED	58	2,5
62	TMB047 1	(GA)30	AAGAAATTAGCGG AAGTGGTCA	TTTGACAAAACA TGGATGGA	USDA-ARS, College Station (TX, USA)	BAC	<i>G. hirsutum</i>	Yu et al., 2002; He et al., 2007	Guo 2008a	A2(53,529)/ D3(0)	2/17	21	HEX	55	2,5

ANEXO II. Matriz de distancia genética entre las 48 variedades de algodón y calculada a partir del coeficiente de Jaccard.

[illegible]

ANEXO II. Continuación.

	AVANGARD	KOLORIT	NATALIYA	DARMI	RUMI	DP ACALA90	ELPIDA	SP-57	MASSALA	DP-332	DP-377	COKEK 312	CARISMA	VIKY	JULIA	FANTOM	TEX 1425	WVC-19NSSL	KIBALA	AZ-0008	PIMA S-6	TM-1	A. MAXXA	180F	ACALA 3080
ALEPO	0,84	0,85	0,86	0,85	0,86	0,88	0,89	0,85	0,75	0,88	0,88	0,88	0,88	0,87	0,87	0,85	0,85	0,85	0,56	0,9	0,35	0,85	0,87	0,83	0,84
CIMA	0,83	0,83	0,84	0,83	0,84	0,88	0,86	0,84	0,76	0,88	0,85	0,9	0,87	0,85	0,87	0,83	0,85	0,85	0,57	0,92	0,31	0,83	0,84	0,84	0,84
ARMADA	0,83	0,83	0,84	0,84	0,84	0,87	0,87	0,84	0,76	0,87	0,86	0,88	0,86	0,86	0,86	0,84	0,84	0,82	0,56	0,91	0,4	0,84	0,86	0,82	0,84
LANOVIA	0,83	0,84	0,85	0,84	0,85	0,88	0,88	0,84	0,76	0,87	0,86	0,88	0,87	0,87	0,86	0,85	0,84	0,83	0,59	0,91	0,43	0,85	0,86	0,82	0,84
GW-4265	0,84	0,85	0,85	0,85	0,86	0,89	0,88	0,85	0,76	0,88	0,87	0,89	0,88	0,87	0,87	0,85	0,85	0,84	0,57	0,9	0,37	0,85	0,87	0,83	0,84
LAGIRALDA	0,82	0,85	0,85	0,84	0,86	0,89	0,88	0,85	0,77	0,89	0,86	0,89	0,87	0,85	0,87	0,84	0,85	0,86	0,57	0,91	0,31	0,83	0,86	0,84	0,84
E-1	0,84	0,85	0,84	0,83	0,85	0,89	0,88	0,85	0,76	0,87	0,85	0,89	0,88	0,85	0,87	0,85	0,86	0,84	0,58	0,91	0,31	0,84	0,85	0,84	0,85
SAN DIEGO	0,82	0,83	0,82	0,82	0,84	0,88	0,87	0,83	0,73	0,87	0,85	0,87	0,85	0,83	0,86	0,83	0,85	0,84	0,53	0,9	0,18	0,84	0,86	0,83	0,84
GW-4269	0,84	0,85	0,85	0,84	0,85	0,89	0,87	0,85	0,74	0,89	0,86	0,89	0,87	0,85	0,87	0,84	0,85	0,86	0,56	0,91	0,23	0,84	0,85	0,84	0,85
SS-UPL-01	0,43	0,42	0,43	0,41	0,37	0,51	0,44	0,44	0,51	0,43	0,47	0,41	0,45	0,4	0,49	0,49	0,46	0,48	0,83	0,87	0,82	0,52	0,46	0,51	0,46
AI-292	0,47	0,45	0,44	0,43	0,48	0,22	0,55	0,55	0,56	0,47	0,49	0,44	0,49	0,5	0,4	0,5	0,49	0,49	0,83	0,89	0,87	0,52	0,49	0,58	0,46
AI-270	0,51	0,46	0,42	0,48	0,46	0,51	0,48	0,51	0,57	0,37	0,44	0,41	0,41	0,47	0,53	0,59	0,54	0,46	0,86	0,87	0,86	0,47	0,53	0,57	0,48
CAMPO	0,42	0,41	0,43	0,45	0,39	0,39	0,41	0,45	0,5	0,36	0,44	0,31	0,37	0,42	0,38	0,46	0,48	0,47	0,86	0,87	0,87	0,43	0,47	0,49	0,44
LIDER	0,48	0,44	0,43	0,4	0,41	0,43	0,43	0,41	0,49	0,28	0,4	0,33	0,3	0,45	0,41	0,52	0,45	0,46	0,87	0,86	0,89	0,43	0,47	0,52	0,44
BABYLON	0,5	0,41	0,44	0,41	0,38	0,44	0,48	0,43	0,52	0,27	0,36	0,37	0,29	0,45	0,39	0,5	0,46	0,47	0,86	0,88	0,87	0,41	0,5	0,5	0,47
LAMBADA	0,36	0,34	0,39	0,4	0,35	0,43	0,42	0,4	0,42	0,48	0,45	0,44	0,48	0,48	0,49	0,36	0,37	0,51	0,82	0,88	0,84	0,52	0,39	0,48	0,4
MISTRAL	0,41	0,39	0,38	0,36	0,41	0,49	0,4	0,41	0,43	0,42	0,41	0,43	0,51	0,4	0,48	0,36	0,46	0,4	0,82	0,85	0,85	0,55	0,36	0,49	0,37
AMAZONA	0,41	0,41	0,4	0,42	0,42	0,46	0,35	0,46	0,44	0,49	0,38	0,5	0,47	0,47	0,48	0,4	0,45	0,48	0,81	0,88	0,84	0,55	0,41	0,46	0,42
CELIA	0,46	0,45	0,46	0,46	0,48	0,32	0,48	0,48	0,5	0,52	0,49	0,38	0,47	0,43	0,23	0,46	0,48	0,56	0,85	0,88	0,87	0,51	0,43	0,56	0,44
ELSA	0,47	0,39	0,42	0,34	0,35	0,41	0,42	0,41	0,42	0,4	0,43	0,38	0,32	0,39	0,35	0,47	0,45	0,46	0,83	0,88	0,85	0,51	0,42	0,49	0,39
JUNCAL	0,46	0,43	0,45	0,43	0,4	0,42	0,47	0,38	0,5	0,35	0,43	0,31	0,36	0,4	0,34	0,46	0,48	0,49	0,87	0,88	0,87	0,5	0,43	0,48	0,43
ST-467	0,5	0,44	0,45	0,44	0,42	0,5	0,44	0,45	0,55	0,3	0,44	0,38	0,29	0,47	0,48	0,46	0,51	0,42	0,85	0,88	0,85	0,46	0,47	0,49	0,46
ALEXANDROS	0,41	0,37	0,39	0,41	0,35	0,4	0,44	0,43	0,48	0,36	0,36	0,38	0,32	0,48	0,36	0,46	0,44	0,46	0,85	0,87	0,85	0,38	0,45	0,5	0,45

	AVANGARD.	KOLORIT	NATALIYA	DARMI	RUMI	DP ACALA90	ELPIDA	SP-57	MASSALA	DP-332	DP-377	COKER 312	CARISMA	VIKY	JULIA	FANTOM	TEX 1425	WC-19NSSL	KIBALA	A2-0008	PIMA 5-6	TM-1	A. MAXXA	180F	ACALA 3080
AVANGARD.	0	0,32	0,35	0,32	0,34	0,41	0,42	0,49	0,44	0,55	0,51	0,47	0,48	0,48	0,44	0,42	0,37	0,49	0,82	0,89	0,81	0,51	0,41	0,52	0,42
KOLORIT		0	0,26	0,31	0,23	0,44	0,46	0,45	0,46	0,46	0,46	0,43	0,42	0,47	0,49	0,42	0,4	0,44	0,81	0,88	0,82	0,46	0,41	0,48	0,41
NATALIYA			0	0,25	0,27	0,46	0,51	0,46	0,48	0,43	0,43	0,42	0,45	0,43	0,48	0,5	0,38	0,42	0,81	0,88	0,82	0,45	0,47	0,49	0,42
DARMI				0	0,24	0,42	0,44	0,38	0,4	0,45	0,45	0,4	0,41	0,39	0,45	0,47	0,35	0,39	0,8	0,89	0,82	0,49	0,38	0,5	0,4
RUMI					0	0,42	0,41	0,34	0,43	0,44	0,48	0,41	0,4	0,44	0,44	0,42	0,34	0,44	0,81	0,88	0,83	0,5	0,37	0,46	0,42
DP ACALA 90						0	0,47	0,48	0,54	0,52	0,49	0,39	0,44	0,51	0,3	0,46	0,49	0,54	0,85	0,89	0,88	0,5	0,44	0,56	0,5
ELPIDA							0	0,42	0,41	0,51	0,48	0,47	0,42	0,46	0,45	0,39	0,45	0,46	0,84	0,86	0,87	0,57	0,34	0,53	0,48
SP-57								0	0,49	0,45	0,48	0,38	0,43	0,4	0,46	0,37	0,4	0,42	0,83	0,87	0,84	0,57	0,4	0,47	0,39
MASSALA									0	0,53	0,53	0,5	0,5	0,49	0,53	0,47	0,39	0,53	0,73	0,9	0,73	0,57	0,41	0,51	0,44
DP-332										0	0,37	0,38	0,29	0,47	0,47	0,54	0,47	0,41	0,85	0,87	0,88	0,46	0,54	0,5	0,47
DP-377											0	0,47	0,43	0,49	0,48	0,48	0,47	0,44	0,84	0,88	0,84	0,41	0,48	0,56	0,46
COKER 312												0	0,38	0,43	0,42	0,45	0,48	0,48	0,85	0,87	0,89	0,51	0,45	0,56	0,39
CARISMA													0	0,52	0,41	0,5	0,46	0,45	0,86	0,88	0,86	0,43	0,5	0,52	0,47
VIKY														0	0,44	0,44	0,47	0,5	0,82	0,87	0,83	0,55	0,41	0,52	0,36
JULIA															0	0,48	0,47	0,5	0,85	0,89	0,86	0,49	0,45	0,56	0,52
FANTOM																0	0,47	0,5	0,82	0,88	0,82	0,59	0,37	0,5	0,37
TEX 1425																	0	0,47	0,81	0,9	0,85	0,53	0,44	0,49	0,44
WC-19NSSL																		0	0,81	0,87	0,84	0,5	0,46	0,51	0,42
KIBALA																			0	0,89	0,51	0,86	0,84	0,83	0,82
A2-0008																				0	0,9	0,86	0,88	0,87	0,86
PIMA 5-6																					0	0,84	0,84	0,83	0,83
TM-1		</																							

	AVANGARD.	KOLORIT	NATALIYA	DARMI	RUMI	DP ACALA90	ELPIDA	SP-57	MASSALA	DP-332	DP-377	COKER 312	CARISMA	VIKY	JULIA	FANTOM	TEX 1425	WC-19NSSL	KIBALA	A2-0008	PIMA 5-6	TM-1	A. MAXXA	180F	ACALA 3080
AVANGARD.	0	0,32	0,35	0,32	0,34	0,41	0,42	0,49	0,44	0,55	0,51	0,47	0,48	0,48	0,44	0,42	0,37	0,49	0,82	0,89	0,81	0,51	0,41	0,52	0,42
KOLORIT		0	0,26	0,31	0,23	0,44	0,46	0,45	0,46	0,46	0,46	0,43	0,42	0,47	0,49	0,42	0,4	0,44	0,81	0,88	0,82	0,46	0,41	0,48	0,41
NATALIYA			0	0,25	0,27	0,46	0,51	0,46	0,48	0,43	0,43	0,42	0,45	0,43	0,48	0,5	0,38	0,42	0,81	0,88	0,82	0,45	0,47	0,49	0,42
DARMI				0	0,24	0,42	0,44	0,38	0,4	0,45	0,45	0,4	0,41	0,39	0,45	0,47	0,35	0,39	0,8	0,89	0,82	0,49	0,38	0,5	0,4
RUMI					0	0,42	0,41	0,34	0,43	0,44	0,48	0,41	0,4	0,44	0,44	0,42	0,34	0,44	0,81	0,88	0,83	0,5	0,37	0,46	0,42
DP ACALA 90						0	0,47	0,48	0,54	0,52	0,49	0,39	0,44	0,51	0,3	0,46	0,49	0,54	0,85	0,89	0,88	0,5	0,44	0,56	0,5
ELPIDA							0	0,42	0,41	0,51	0,48	0,47	0,42	0,46	0,45	0,39	0,45	0,46	0,84	0,86	0,87	0,57	0,34	0,53	0,48
SP-57								0	0,49	0,45	0,48	0,38	0,43	0,4	0,46	0,37	0,4	0,42	0,83	0,87	0,84	0,57	0,4	0,47	0,39
MASSALA									0	0,53	0,53	0,5	0,5	0,49	0,53	0,47	0,39	0,53	0,73	0,9	0,73	0,57	0,41	0,51	0,44
DP-332										0	0,37	0,38	0,29	0,47	0,47	0,54	0,47	0,41	0,85	0,87	0,88	0,46	0,54	0,5	0,47
DP-377											0	0,47	0,43	0,49	0,48	0,48	0,47	0,44	0,84	0,88	0,84	0,41	0,48	0,56	0,46
COKER 312												0	0,38	0,43	0,42	0,45	0,48	0,48	0,85	0,87	0,89	0,51	0,45	0,56	0,39
CARISMA													0	0,52	0,41	0,5	0,46	0,45	0,86	0,88	0,86	0,43	0,5	0,52	0,47
VIKY														0	0,44	0,44	0,47	0,5	0,82	0,87	0,83	0,55	0,41	0,52	0,36
JULIA															0	0,48	0,47	0,5	0,85	0,89	0,86	0,49	0,45	0,56	0,52
FANTOM																0	0,47	0,5	0,82	0,88	0,82	0,59	0,37	0,5	0,37
TEX 1425																	0	0,47	0,81	0,9	0,85	0,53	0,44	0,49	0,44
WC-19NSSL																		0	0,81	0,87	0,84	0,5	0,46	0,51	0,42
KIBALA																			0	0,89	0,51	0,86	0,84	0,83	0,82
A2-0008																				0	0,9	0,86	0,88	0,87	0,86
PIMA 5-6																					0	0,84	0,84	0,83	0,83
TM-1																						0	0,55	0,58	0,56
AC. MAXXA																							0	0,5	0,36
180F																								0	0,46
ACALA 3080																									0

ANEXO III. Comparaciones de medias ($p<0,01$) y grupos homogéneos usando el método LSD.
Los parámetros morfológicos y productivos han sido evaluados en 46 variedades y los de calidad de fibra en 43 variedades.

AT			Atop5			NT		
Entrada	Media		Entrada	Media		Entrada	Media	
AVANGARD 264	73	a	LANOVIA	1,53	a	AVANGARD	16,3	a
LANOVIA	81,3	b	KOLORIT	2,33	b	DP-377	16,7	a
DP-377	81,7	b	ARMADA	2,53	bc	TM-1	17,7	ab
NATALIYA	86,3	c	ALEPO	2,57	b-d	NATALIYA	18	a-c
ELPIDA	86,7	c	DARMI	2,67	b-e	ELPIDA	18,3	a-d
GW-4265	89	cd	A2-0008	2,87	c-f	SP-57	18,3	a-d
ACALA MAXXA	89	cd	SAN DIEGO	2,9	c-g	DP-332	19,3	b-e
DP ACALA 90	89,3	c-e	ALEXANDROS	2,93	c-g	DP ACALA 90	19,7	b-f
A2-0008	89,7	c-e	RUMI	2,97	c-g	ST-467	19,7	b-f
LAGIRALDA	90,7	de	LAMBADA	2,97	c-g	ACALA MAXXA	20	c-f
RUMI	91,2	de	JUNCAL	3	d-h	CIMA	20	c-f
GW-4269	91,3	d-f	CELIA	3,03	d-h	MASSALA	20,3	d-g
ALEXANDROS	92	d-g	LAGIRALDA	3,03	e-h	BABYLON	21	e-h
KOLORIT	93	e-h	MISTRAL	3,1	e-h	108F	21	e-h
SAN DIEGO	95,2	f-i	WC-19NSSL	3,13	f-i	JUNCAL	21,3	e-i
DARMI	95,2	f-i	ACALA 3080	3,17	f-i	SAN DIEGO	21,7	f-j
MASSALA	95,3	g-i	GW-4265	3,17	f-i	COKER 312	21,7	f-j
CIMA	95,3	g-i	AMAZONA	3,17	f-j	GW-4269	22,3	g-k
CELIA	96	h-j	GW-4269	3,23	f-k	CAMPO	22,3	g-k
ALEPO	96,3	h-j	TEX-1425	3,33	g-k	ELSA	22,3	g-k
E-1	96,5	h-j	SS-UPL-01	3,37	h-k	RUMI	22,3	g-k
DP-332	97	i-j	CARISMA	3,4	h-k	LANOVIA	22,3	h-l
ARMADA	97,2	i-j	BABYLON	3,4	h-k	KOLORIT	22,7	h-l
TM-1	97,3	i-j	NATALIYA	3,4	h-k	AI-270	22,7	h-l
ELSA	98	i-j	ACALA MAXXA	3,4	i-l	ALEXANDROS	22,7	h-l
LIDER	99,5	jk	COKER 312	3,5	j-m	ALEPO	23	h-m
SP-57	99,8	jk	DP-377	3,63	j-m	LIDER	23	h-m
COKER 312	103	kl	DP ACALA 90	3,63	k-m	CELIA	23,3	i-n
ST-467	105,3	l	ELSA	3,67	k-n	A2-0008	23,3	i-n
AMAZONA	109,3	m	E-1	3,7	k-n	AMAZONA	23,3	i-n
AI-270	111,7	mn	ST-467	3,7	l-ñ	KIBALA	23,7	j-ñ
WC-19NSSL	112	mn	ELPIDA	3,77	l-ñ	SS-UPL-01	23,7	j-ñ
BABYLON	113,8	ñ	LIDER	3,77	m-o	LAGIRALDA	23,7	j-ñ
MISTRAL	115	n-o	JULIA	3,9	m-o	E-1	24	k-o
JUNCAL	116,3	ñ-p	CIMA	3,93	n-p	CARISMA	24	k-o
LAMBADA	117,7	ñ-p	AVANGARD 264	4,03	n-p	WC-19NSSL	24,3	k-o
JULIA	118,3	op	MASSALA	4,07	n-p	DARMI	24,3	k-o
ACALA 3080	118,7	op	FANTOM	4,1	ñ-p	FANTOM	24,3	k-o
108F	119,3	pq	CAMPO	4,17	ñ-p	ACALA 3080	24,7	l-o
SS-UPL-01	122,7	q	AI-292	4,17	ñ-p	LAMBADA	25	m-o
CAMPO	132,7	r	KIBALA	4,23	ñ-p	JULIA	25,3	n-o
CARISMA	135	r	TM-1	4,27	op	ARMADA	25,3	n-o
AI-292	142,7	s	SP-57	4,3	op	MISTRAL	25,7	ño
TEX-1425	144,7	s	DP-332	4,43	p	GW-4265	26	op
FANTOM	155,7	t	108F	4,47	p	TEX-1425	28	pq
KIBALA	171,3	u	AI-270	5,47	q	AI-292	28,3	r

ANEXO III. Continuación.

HNR			RF			N1RF		
Entrada	Media		Entrada	Media		Entrada	Media	
GW-4265	3,47	a	KIBALA	0	a	KIBALA	0	a
LANOVIA	3,6	ab	NATALIYA	8,3	b	RUMI	3,7	b
A2-0008	3,83	a-c	MASSALA	8,3	b	ALEPO	4	bc
ARMADA	3,83	a-c	TM-1	9,3	bc	LANOVIA	4,3	b-d
LAGIRALDA	3,83	a-c	JUNCAL	10	cd	FANTOM	4,7	b-e
DARMI	3,9	a-d	ST-467	10,7	c-e	ARMADA	4,7	b-e
E-1	4,03	b-e	DP-332	10,7	c-e	AVANGARD 264	4,7	b-e
ALEXANDROS	4,07	b-f	ELSA	11,3	d-f	ELPIDA	4,7	b-e
RUMI	4,1	c-f	AVANGARD 264	11,3	d-f	SP-57	5	c-e
GW-4269	4,1	c-f	ACALA MAXXA	11,3	d-f	KOLORIT	5	c-e
KOLORIT	4,1	c-f	108F	11,7	e-g	TEX-1425	5,3	de
CELIA	4,13	c-g	CAMPO	12	e-h	DARMI	5,3	de
ALEPO	4,2	c-h	LIDER	12,3	f-i	LAGIRALDA	5,3	de
LIDER	4,33	d-i	ACALA 3080	12,3	f-i	NATALIYA	5,3	de
ELSA	4,4	e-i	A2-0008	12,3	f-i	GW-4265	5,7	ef
SAN DIEGO	4,4	e-i	DP ACALA 90	12,3	f-i	AMAZONA	5,7	ef
ACALA MAXXA	4,43	e-i	DP-377	12,3	f-i	LAMBADA	5,7	ef
AVANGARD 264	4,5	e-j	SAN DIEGO	12,7	f-j	BABYLON	6,7	fg
MISTRAL	4,5	e-j	COKER 312	12,7	f-j	LIDER	6,7	fg
DP ACALA 90	4,53	f-j	CELIA	13	g-k	MISTRAL	6,7	fg
WC-19NSSL	4,6	g-k	ELPIDA	13,3	h-l	DP ACALA 90	7	gh
JULIA	4,67	h-k	CIMA	13,3	h-l	CIMA	7,3	g-i
ELPIDA	4,7	i-l	SP-57	13,7	i-m	DP-377	7,3	g-i
MASSALA	4,7	i-l	ALEXANDROS	13,7	i-m	GW-4269	7,7	g-j
LAMBADA	4,73	i-m	KOLORIT	13,7	i-m	SAN DIEGO	7,7	g-j
AMAZONA	4,77	i-m	AI-270	13,7	i-m	ALEXANDROS	7,7	g-j
COKER 312	4,77	i-m	BABYLON	14	j-n	A2-0008	7,7	g-j
CIMA	4,77	i-m	GW-4269	14,3	k-ñ	ST-467	8	h-j
ACALA 3080	4,8	i-m	JULIA	14,7	l-ñ	WC-19NSSL	8	h-j
NATALIYA	4,8	i-m	LAGIRALDA	15	m-o	E-1	8	h-j
DP-377	4,93	j-n	ALEPO	15,3	n-p	DP-332	8	h-j
AI-270	4,93	j-n	E-1	15,3	n-p	ACALA MAXXA	8	h-j
AI-292	5,03	k-ñ	CARISMA	15,7	ñ-p	108F	8,3	i-k
DP-332	5,07	k-ñ	SS-UPL-01	15,7	ñ-p	AI-292	8,3	i-k
TEX-1425	5,17	l-o	WC-19NSSL	15,7	ñ-p	CAMPO	8,3	i-k
SS-UPL-01	5,2	m-o	AMAZONA	16,3	o-q	SS-UPL-01	8,3	i-k
ST-467	5,37	n-p	LANOVIA	16,7	p-r	ACALA 3080	8,7	j-l
BABYLON	5,43	ñ-p	GW-4265	17,3	q-s	COKER 312	8,7	j-l
JUNCAL	5,47	ñ-p	LAMBADA	17,7	q-s	CELIA	9,3	k-m
TM-1	5,47	ñ-p	AI-292	18	rs	TM-1	9,3	k-m
SP-57	5,47	ñ-p	MISTRAL	18,3	s	CARISMA	9,7	lm
CARISMA	5,63	o-q	DARMI	20,3	t	MASSALA	9,7	lm
108F	5,73	pq	RUMI	20,3	t	JUNCAL	9,7	lm
CAMPO	5,97	qr	FANTOM	20,7	t	JULIA	10,3	m
FANTOM	6,4	r	ARMADA	20,7	t	ELSA	10,3	m
KIBALA	7,23	s	TEX-1425	22,3	u	AI-270	10,3	m

ANEXO III. Continuación.

RV			RVF			ENC		
Entrada	Media		Entrada	Media		Entrada	Media	
ELPIDA	0	a	ARMADA	0	a	AMAZONA	1	a
KOLORIT	0	a	KOLORIT	0	a	AI-270	1	a
RUMI	0	a	DP ACALA 90	0	a	MISTRAL	1	a
DARMI	0	a	LANOVIA	0	a	CELIA	1	a
LANOVIA	0	a	ALEPO	0	a	COKER 312	1	a
SP-57	0	a	RUMI	0	a	CAMPO	1	a
ARMADA	0	a	SP-57	0	a	BABYLON	1	a
ALEPO	0	a	ELPIDA	0	a	ALEXANDROS	1	a
AVANGARD 264	0,3	ab	DARMI	0	a	LIDER	1	a
CIMA	0,3	ab	KIBALA	0	a	JULIA	1	a
GW-4265	0,7	a-c	AVANGARD 264	0	a	KIBALA	1	a
NATALIYA	0,7	a-c	MISTRAL	0,2	ab	LAMBADA	1	a
DP ACALA 90	0,7	a-c	FANTOM	0,3	a-c	SS-UPL-01	1	a
DP-377	1	a-d	CIMA	0,3	a-c	FANTOM	1	a
BABYLON	1	a-d	BABYLON	0,3	a-c	SP-57	1	a
MISTRAL	1	a-d	GW-4265	0,3	a-c	ELSA	1	a
DP-332	1	a-d	CAMPO	0,7	a-d	ELPIDA	1	a
FANTOM	1,3	a-e	DP-377	0,7	a-d	JUNCAL	1,3	ab
ST-467	1,3	a-e	LAMBADA	0,7	a-d	MASSALA	1,3	ab
E-1	1,3	a-e	CELIA	1	a-e	ACALA 3080	1,3	ab
LAMBADA	1,3	a-e	ST-467	1	a-e	ST-467	1,3	ab
SAN DIEGO	1,7	a-f	AI-270	1	a-e	ACALA MAXXA	1,3	ab
LIDER	1,7	a-f	WC-19NSSL	1,1	a-f	AI-292	1,7	a-c
CAMPO	1,7	a-f	ELSA	1,1	a-f	TM-1	1,7	a-c
ELSA	2	a-g	AMAZONA	1,1	a-f	108F	2	b-d
SS-UPL-01	2	a-g	E-1	1,3	a-g	GW-4265	2	b-d
AMAZONA	2	a-g	DP-332	1,5	a-h	E-1	2	b-d
108F	2,3	a-g	GW-4269	1,7	a-h	DP-377	2	b-d
WC-19NSSL	2,7	b-h	ACALA 3080	1,8	a-h	CARISMA	2	b-d
TM-1	3	c-h	NATALIYA	2	a-h	GW-4269	2,3	c-e
AI-270	3,3	d-i	LIDER	2,1	b-h	DP-332	2,7	de
TEX-1425	3,7	e-j	ACALA MAXXA	2,3	c-h	SAN DIEGO	2,7	de
ALEXANDROS	3,7	e-j	LAGIRALDA	2,4	d-h	DP ACALA 90	2,7	de
AI-292	4	f-j	JUNCAL	2,7	d-h	LAGIRALDA	3	ef
JUNCAL	4	f-j	<u>A2-0008</u>	2,8	e-i	CIMA	3	ef
CELIA	4,3	g-k	AI-292	2,8	e-i	LANOVIA	3	ef
LAGIRALDA	4,3	g-k	ALEXANDROS	2,9	e-j	WC-19NSSL	3	ef
GW-4269	5	h-k	CARISMA	3,1	f-k	<u>A2-0008</u>	3,7	fg
CARISMA	5	h-k	MASSALA	3,3	g-k	ARMADA	3,7	fg
MASSALA	5	h-k	SS-UPL-01	3,4	h-k	DARMI	3,7	fg
<u>A2-0008</u>	5,7	i-k	JULIA	4,8	i-l	TEX-1425	3,7	fg
ACALA MAXXA	6	jk	TM-1	4,8	i-l	NATALIYA	3,7	fg
JULIA	6	jk	COKER 312	5	j-l	RUMI	3,7	fg
ACALA 3080	6	jk	SAN DIEGO	5	k-l	KOLORIT	4	gh
COKER 312	6,7	k	TEX-1425	5,6	l	ALEPO	4,7	h
KIBALA	14	l	108F	7,8	m	AVANGARD 264	4,7	h

ANEXO III. Continuación.

FL			CV			CA		
Entrada		Media	Entrada		Media	Entrada		Media
KIBALA	0	a	KIBALA	0	a	SS-UPL-01	0	a
NATALIYA	0,3	ab	AVANGARD 264	0,7	a	JULIA	0	a
ALEPO	0,3	ab	RUMI	2,3	ab	E-1	0	a
WC-19NSSL	0,3	ab	MASSALA	3	a-c	KIBALA	0	a
ALEXANDROS	0,7	a-c	TM-1	5,7	b-d	JUNCAL	0	a
ST-467	1	a-d	AI-270	6	b-e	LAMBADA	0	a
AVANGARD 264	1	a-d	DP-377	6,3	c-f	AI-270	0	a
LANOVIA	1,3	a-d	SP-57	6,3	c-f	ACALA MAXXA	0	a
DP-377	1,3	a-d	BABYLON	6,7	c-f	TM-1	0	a
108F	1,7	a-e	DP-332	6,7	c-f	DP-332	0	a
SP-57	1,7	a-e	AMAZONA	7,3	d-f	SAN DIEGO	0	a
ACALA 3080	1,7	a-e	ACALA 3080	7,3	d-f	DP ACALA 90	0	a
COKER 312	1,7	a-e	ELPIDA	8	d-g	DP-377	0	a
DP ACALA 90	2	a-e	NATALIYA	8	d-g	GW-4269	0	a
ACALA MAXXA	3	b-f	ELSA	8,3	d-g	WC-19NSSL	0	a
ELSA	3,3	c-f	CAMPO	9	d-g	ALEXANDROS	0	a
<u>A2-0008</u>	3,3	c-f	ACALA MAXXA	9	d-g	<u>A2-0008</u>	0	a
LIDER	3,7	d-g	JULIA	9	d-g	ACALA 3080	0	a
DP-332	3,7	d-g	ST-467	9,7	e-h	ST-467	0	a
ARMADA	4,3	e-h	SS-UPL-01	9,7	e-h	GW-4265	0	a
MASSALA	5	f-i	KOLORIT	10	f-i	ALEPO	0	a
CIMA	5,7	f-j	CELIA	11,3	g-j	AI-292	0	a
KOLORIT	5,7	f-j	JUNCAL	11,7	g-k	CARISMA	0	a
SAN DIEGO	6,3	g-k	108F	13,3	h-l	COKER 312	0	a
TM-1	6,3	g-k	E-1	13,7	i-l	ELSA	0	a
JUNCAL	6,7	h-k	COKER 312	14,3	j-m	CELIA	0	a
DARMI	6,7	h-k	CIMA	15	j-n	CAMPO	0	a
AMAZONA	7	h-k	GW-4269	15,3	k-n	BABYLON	0	a
LAGIRALDA	7,3	i-l	DP ACALA 90	15,3	k-n	CIMA	0	a
MISTRAL	8	j-l	LAMBADA	15,3	k-n	108F	0	a
E-1	9	k-m	DARMI	16	l-n	MASSALA	0,3	ab
ELPIDA	9	k-m	LAGIRALDA	16,3	l-ñ	LIDER	0,3	ab
CELIA	10	l-n	AI-292	16,7	l-ñ	TEX-1425	0,7	ab
BABYLON	11,3	m-ñ	LIDER	17,7	m-ñ	MISTRAL	1	a-c
LAMBADA	12,3	n-o	ALEXANDROS	18	m-ñ	LAGIRALDA	1	a-c
CARISMA	13	ñ-o	MISTRAL	18	m-ñ	ARMADA	1	a-c
RUMI	13,3	ñ-p	FANTOM	18,3	nñ	LANOVIA	1,3	b-d
GW-4265	14	ñ-q	LANOVIA	20	ño	FANTOM	2	c-e
JULIA	14,7	o-q	WC-19NSSL	23,3	op	NATALIYA	2,3	de
AI-270	15	o-q	CARISMA	23,7	op	SP-57	2,3	de
SS-UPL-01	16	pq	ARMADA	25,7	pq	DARMI	2,7	e
CAMPO	16,7	qr	GW-4265	26,3	p-r	ELPIDA	2,7	e
GW-4269	19,3	rs	SAN DIEGO	29	q-s	KOLORIT	2,7	e
FANTOM	22	st	ALEPO	30	rs	AMAZONA	2,7	e
AI-292	22,7	t	<u>A2-0008</u>	32,7	s	AVANGARD 264	4,3	f
TEX-1425	22,7	t	TEX-1425	39	t	RUMI	4,3	f

ANEXO III. Continuación.

AB			FruTot			RET		
Entrada		Media	Entrada		Media	Entrada		Media
KIBALA	0	a	KIBALA	0	a	<i>SP-57</i>	28,8	a
<i>TM-1</i>	3,3	ab	<i>AVANGARD 264</i>	6	b	<i>AVANGARD 264</i>	31,1	ab
ALEPO	5	a-c	<i>DP-377</i>	7,7	bc	<i>NATALIYA</i>	31,9	a-c
GW-4269	5,7	b-d	<i>MASSALA</i>	8,3	bc	<i>DP-377</i>	32,3	a-c
<i>DP-332</i>	8,7	c-e	<i>ACALA 3080</i>	9	bc	<i>ACALA 3080</i>	37,5	a-d
<i>JUNCAL</i>	9	c-e	<i>DP-332</i>	10,3	b-d	<i>MASSALA</i>	40,7	b-e
ARMADA	9,7	c-f	<i>SP-57</i>	10,3	b-d	<i>ST-467</i>	41,1	c-f
E-1	9,7	c-f	<i>NATALIYA</i>	10,7	b-d	<i>KOLORIT</i>	42,9	d-f
GW-4265	10,3	d-g	<i>ST-467</i>	10,7	b-d	<i>COKER 312</i>	43,6	d-f
LANOVIA	10,7	d-h	<i>ELSA</i>	11,7	c-e	<i>AMAZONA</i>	44	d-f
<i>CELIA</i>	11	e-i	<i>ACALA MAXXA</i>	12	c-e	<i>ACALA MAXXA</i>	45,2	d-g
<i>CARISMA</i>	11	e-i	<i>TM-1</i>	12	c-e	<i>RUMI</i>	45,7	d-h
CIMA	11	e-i	<i>108F</i>	15	d-f	<i>DARMI</i>	47,2	d-i
LAGIRALDA	11,7	e-j	<i>COKER 312</i>	16	e-g	<i>WC-19NSSL</i>	47,7	e-j
SAN DIEGO	11,7	e-j	<i>AMAZONA</i>	17	f-h	<i>108F</i>	49	e-k
<i>LIDER</i>	12	e-j	<i>DP ACALA 90</i>	17,3	f-h	<i>ELSA</i>	49,4	e-l
<i>ELSA</i>	12	e-j	<i>BABYLON</i>	18	f-i	<i>ELPIDA</i>	51	f-l
<i>MASSALA</i>	12,3	e-j	<i>KOLORIT</i>	18,3	f-i	<i>MISTRAL</i>	54	g-m
<i>AI-270</i>	13	e-j	<i>JUNCAL</i>	18,3	f-i	<i>SS-UPL-01</i>	54,4	g-m
<i>AVANGARD 264</i>	13,3	e-j	<i>ALEXANDROS</i>	18,7	f-i	<i>DP-332</i>	55	g-n
<i>BABYLON</i>	13,3	e-j	<i>ELPIDA</i>	19,7	f-j	<i>ALEXANDROS</i>	55,4	h-n
<i>DP ACALA 90</i>	13,7	e-j	<i>RUMI</i>	20	g-k	<i>DP ACALA 90</i>	56,5	i-ñ
<i>CAMPO</i>	13,7	e-j	CIMA	20,7	g-l	<i>BABYLON</i>	57,3	j-o
<i>A2-0008</i>	14,3	f-k	<i>AI-270</i>	21	h-m	<i>LAMBADA</i>	58,8	k-p
<i>ACALA MAXXA</i>	14,3	f-k	<i>CELIA</i>	21,3	h-m	<i>JULIA</i>	59,1	l-p
<i>ALEXANDROS</i>	15,3	g-k	<i>LIDER</i>	21,7	h-m	<i>AI-270</i>	61,6	m-q
<i>ACALA 3080</i>	15,3	g-k	LANOVIA	22,7	i-n	<i>TEX-1425</i>	62,6	m-r
<i>ST-467</i>	15,3	g-k	E-1	22,7	i-n	<i>AI-292</i>	63,8	m-r
<i>108F</i>	15,7	h-l	<i>WC-19NSSL</i>	23,7	j-ñ	<i>LIDER</i>	64,3	n-r
<i>DP-377</i>	16	i-m	<i>JULIA</i>	23,7	j-ñ	<i>CAMPO</i>	65,3	ñ-s
<i>JULIA</i>	16,3	j-m	LAGIRALDA	24,7	k-ñ	CIMA	65,7	ñ-s
<i>ELPIDA</i>	19	k-n	<i>DARMI</i>	25,3	l-ñ	<i>CELIA</i>	65,8	o-t
<i>LAMBADA</i>	19,3	k-ñ	<i>CAMPO</i>	25,7	m-o	<i>FANTOM</i>	66,9	o-t
<i>COKER 312</i>	20,7	l-o	<i>SS-UPL-01</i>	25,7	m-o	<i>JUNCAL</i>	66,9	p-u
<i>FANTOM</i>	21	m-p	<i>MISTRAL</i>	27	n-p	LAGIRALDA	68	p-u
<i>AMAZONA</i>	21,7	n-p	<i>LAMBADA</i>	27,7	ñ-p	LANOVIA	68,1	q-v
<i>SS-UPL-01</i>	21,7	n-p	ALEPO	30,3	o-q	E-1	70,5	q-w
<i>AI-292</i>	22,3	n-p	ARMADA	31	p-r	<i>A2-0008</i>	71,6	r-w
<i>NATALIYA</i>	23	n-p	GW-4269	34,7	p-s	SAN DIEGO	74,6	s-x
<i>MISTRAL</i>	23	n-p	SAN DIEGO	35,3	rs	ARMADA	76,3	t-x
<i>RUMI</i>	23,7	n-p	<i>A2-0008</i>	36	st	<i>CARISMA</i>	77,1	v-x
<i>KOLORIT</i>	24,3	ñ-q	<i>CARISMA</i>	36,7	st	GW-4265	79,5	v-x
<i>SP-57</i>	25	o-q	<i>AI-292</i>	39,3	s-u	<i>TM-1</i>	81,2	wx
<i>WC-19NSSL</i>	26	p-q	GW-4265	40,3	t-u	ALEPO	86	x
<i>DARMI</i>	29	q	<i>FANTOM</i>	42,3	u	GW-4269	86,2	x
<i>TEX-1425</i>	37,7	r	<i>TEX-1425</i>	62,3	v	KIBALA	-	

ANEXO III. Continuación.

GOT			LEN			UNF		
Entrada	Media		Entrada	Media		Entrada	Media	
KIBALA	27,3	a	<i>108F</i>	26,2	a	<i>108F</i>	82,7	a
<i>RUMI</i>	29,9	b	<i>TEX-1425</i>	26,4	a	<i>AI-270</i>	83,4	a
<i>NATALIYA</i>	31,2	c	<i>KOLORIT</i>	27,4	b	<i>TEX-1425</i>	83,9	ab
<i>KOLORIT</i>	32,3	d	<i>AVANGARD 264</i>	27,7	b	<i>AMAZONA</i>	84,8	bc
<i>TEX-1425</i>	32,6	de	<i>RUMI</i>	27,8	bc	<i>RUMI</i>	84,8	bc
<i>DARMI</i>	33	de	<i>NATALIYA</i>	28	b-d	<i>DARMI</i>	84,8	b-d
<i>AI-270</i>	33,1	e	<i>DARMI</i>	28,2	b-d	<i>AVANGARD 264</i>	85,1	b-e
<i>108F</i>	33,8	f	<i>DP ACALA 90</i>	28,6	c-e	<i>NATALIYA</i>	85,2	b-f
<i>TM-1</i>	34,1	fg	<i>CARISMA</i>	28,6	de	<i>SP-57</i>	85,4	c-g
<i>AI-292</i>	34,7	g	<i>JUNCAL</i>	29,4	ef	<i>MASSALA</i>	85,5	c-h
GW-4269	35,4	h	<i>DP-332</i>	29,4	ef	<i>KOLORIT</i>	85,6	c-i
ARMADA	35,7	hi	<i>LAMBADA</i>	29,5	f	<i>TM-1</i>	85,6	c-i
LANOVIA	36,1	hj	<i>AMAZONA</i>	29,5	f	<i>WC-19NSSL</i>	85,7	c-i
<i>E-1</i>	36,4	ik	<i>DP-377</i>	29,6	f	<i>ACALA 3080</i>	85,8	c-i
<i>AVANGARD 264</i>	36,6	jk	<i>ALEXANDROS</i>	29,7	f	<i>ELPIDA</i>	85,9	c-j
CIMA	36,8	k	<i>SP-57</i>	29,8	fg	<i>ALEXANDROS</i>	85,9	c-j
<i>FANTOM</i>	37	k	<i>LIDER</i>	30,1	fh	<i>LAMBADA</i>	85,9	c-j
<i>WC-19NSSL</i>	37,8	l	<i>ST-467</i>	30,1	fh	<i>DP ACALA 90</i>	86	c-j
ALEPO	38,1	l	<i>FANTOM</i>	30,2	fi	<i>MISTRAL</i>	86,2	d-k
<i>SS-UPL-01</i>	38,2	l	<i>CELIA</i>	30,7	gj	<i>CARISMA</i>	86,3	e-k
SAN DIEGO	39,2	m	<i>BABYLON</i>	30,7	hj	<i>LIDER</i>	86,3	e-k
<i>MASSALA</i>	39,4	mn	<i>CAMPO</i>	30,8	hj	<i>FANTOM</i>	86,3	e-l
<i>ACALA 3080</i>	39,8	m-ñ	<i>AI-270</i>	31	ij	<i>ACALA MAXXA</i>	86,4	e-m
LAGIRALDA	40	nñ	<i>SS-UPL-01</i>	31,1	ij	<i>SS-UPL-01</i>	86,5	f-n
<i>COKER 312</i>	40,2	ñ	<i>MISTRAL</i>	31,2	j	ALEPO	86,6	f-n
GW-4265	40,4	ñ	<i>ACALA 3080</i>	31,2	j	<i>AI-292</i>	86,8	g-ñ
<i>LAMBADA</i>	40,4	ñ	<i>WC-19NSSL</i>	31,2	j	<i>CAMPO</i>	86,9	h-o
<i>AMAZONA</i>	41,1	o	<i>ELSA</i>	31,2	jk	<i>DP-377</i>	86,9	h-o
<i>BABYLON</i>	41,3	op	<i>ACALA MAXXA</i>	31,3	jk	LAGIRALDA	87,2	i-o
<i>ACALA MAXXA</i>	41,4	op	<i>ELPIDA</i>	31,4	jk	<i>CELIA</i>	87,2	i-p
<i>CAMPO</i>	42	pq	<i>AI-292</i>	32,1	kl	<i>JUNCAL</i>	87,4	j-p
<i>CELIA</i>	42	pq	<i>TM-1</i>	32,3	l	CIMA	87,4	j-p
<i>A2-0008</i>	42	pq	CIMA	33,6	m	ARMADA	87,4	j-p
<i>JUNCAL</i>	42,3	qr	LAGIRALDA	33,7	m	<i>DP-332</i>	87,4	j-p
<i>LIDER</i>	42,5	q-s	<i>MASSALA</i>	34	mn	<i>BABYLON</i>	87,5	j-p
<i>ALEXANDROS</i>	42,8	rs	ALEPO	34,4	m-ñ	LANOVIA	87,6	k-p
<i>DP-377</i>	42,9	rs	<i>A2-0008</i>	34,8	n-o	SAN DIEGO	87,7	l-p
<i>MISTRAL</i>	43,1	s	GW-4265	35,1	ñ-p	<i>A2-0008</i>	87,8	m-p
<i>ST-467</i>	44,5	t	SAN DIEGO	35,3	op	<i>ST-467</i>	87,8	m-p
<i>DP ACALA 90</i>	44,5	t	LANOVIA	35,7	p	<i>ELSA</i>	87,9	n-p
<i>ELPIDA</i>	44,7	t	ARMADA	35,8	p	GW-4269	88	ñ-p
<i>CARISMA</i>	45	tu	<i>E-1</i>	37,1	q	GW-4265	88,2	op
<i>DP-332</i>	45,6	uv	GW-4269	38,4	r	<i>E-1</i>	88,5	p
<i>ELSA</i>	46,1	v						
<i>JULIA</i>	46,2	v						
<i>SP-57</i>	46,2	v						

ANEXO III. Continuación.

SFI		STR		ELG	
Entrada	Media	Entrada	Media	Entrada	Media
GW-4265	1,5 a	<i>FANTOM</i>	30,6 a	<i>AI-292</i>	6,9 a
CIMA	1,9 ab	<i>MISTRAL</i>	31,1 a	<i>CELIA</i>	6,9 a
LANOVIA	2 ab	<i>CARISMA</i>	32,2 ab	GW-4269	6,9 ab
SAN DIEGO	2 ab	<i>AI-270</i>	32,7 a-c	<i>DP ACALA 90</i>	7 ab
E-1	2 ab	<i>AMAZONA</i>	33 a-d	<i>MASSALA</i>	7,1 a-c
ARMADA	2,1 a-c	<i>SP-57</i>	33,3 a-e	<i>ACALA 3080</i>	7,1 a-c
<u>A2-0008</u>	2,2 a-c	<i>WC-19NSSL</i>	33,9 a-f	<i>AI-270</i>	7,1 a-c
LAGIRALDA	2,3 a-d	<i>CAMPO</i>	33,9 a-f	E-1	7,1 a-d
GW-4269	2,4 a-e	<i>LAMBADA</i>	34,2 a-g	<i>JUNCAL</i>	7,1 a-d
<i>ELSA</i>	2,6 a-f	<i>MASSALA</i>	35,1 b-h	<i>WC-19NSSL</i>	7,2 a-e
ALEPO	2,7 a-f	<i>ELSA</i>	35,3 b-h	<i>SS-UPL-01</i>	7,2 a-e
<i>DP-332</i>	2,8 a-g	<i>TM-1</i>	35,3 b-h	<i>AVANGARD 264</i>	7,3 a-f
<i>BABYLON</i>	2,9 a-g	<i>108F</i>	35,4 b-h	<i>RUMI</i>	7,3 a-g
<i>ST-467</i>	2,9 b-g	<i>ACALA MAXXA</i>	35,7 b-i	<i>DP-377</i>	7,3 a-h
<i>AI-292</i>	3,1 b-h	<i>LIDER</i>	35,8 b-i	<i>NATALIYA</i>	7,4 b-h
<i>CELIA</i>	3,1 b-h	<i>SS-UPL-01</i>	35,9 c-i	<i>TM-1</i>	7,4 b-h
<i>JUNCAL</i>	3,1 b-i	<i>BABYLON</i>	36,3 c-j	<i>DARMI</i>	7,5 c-i
<i>ACALA MAXXA</i>	3,3 b-j	<i>RUMI</i>	36,3 c-j	<i>KOLORIT</i>	7,6 d-j
<i>CAMPO</i>	3,4 c-k	<i>ST-467</i>	36,6 d-j	<i>ACALA MAXXA</i>	7,6 d-j
<i>FANTOM</i>	3,6 c-k	<i>AVANGARD 264</i>	36,7 e-j	<i>LAMBADA</i>	7,6 d-j
<i>LIDER</i>	3,6 c-k	<i>ALEXANDROS</i>	37,1 f-j	SAN DIEGO	7,7 e-k
<i>ALEXANDROS</i>	3,7 c-l	<i>ELPIDA</i>	37,2 f-j	ALEPO	7,8 f-l
<i>SS-UPL-01</i>	3,7 d-m	<i>TEX-1425</i>	37,3 f-j	<i>AMAZONA</i>	7,8 g-m
<i>MISTRAL</i>	3,9 d-m	<i>DP-377</i>	37,3 f-j	CIMA	7,8 h-m
<i>MASSALA</i>	3,9 d-m	<i>DP-332</i>	37,3 f-j	LAGIRALDA	8 i-n
<i>ACALA 3080</i>	3,9 e-m	<i>KOLORIT</i>	37,5 f-j	<i>TEX-1425</i>	8 i-n
<i>SP-57</i>	4 e-m	<i>AI-292</i>	37,7 g-j	<i>CAMPO</i>	8 i-n
<i>LAMBADA</i>	4 e-m	ARMADA	37,8 h-k	<i>SP-57</i>	8 i-n
<i>ELPIDA</i>	4,1 f-m	<i>DP ACALA 90</i>	38 h-k	<i>108F</i>	8,1 j-ñ
<i>DP-377</i>	4,2 f-n	<i>NATALIYA</i>	38,2 h-k	<i>LIDER</i>	8,1 j-ñ
<i>NATALIYA</i>	4,3 f-n	LANOVIA	38,2 h-k	<i>ST-467</i>	8,1 j-o
<i>CARISMA</i>	4,3 g-ñ	LAGIRALDA	38,3 h-k	<i>ELSA</i>	8,2 k-o
<i>TM-1</i>	4,4 g-ñ	<i>CELIA</i>	38,5 h-l	<u>A2-0008</u>	8,2 k-o
<i>DP ACALA 90</i>	4,4 g-ñ	<i>DARMI</i>	38,6 h-m	<i>MISTRAL</i>	8,2 k-o
<i>DARMI</i>	4,4 g-ñ	<i>JUNCAL</i>	39,2 i-m	<i>BABYLON</i>	8,2 k-o
<i>AVANGARD 264</i>	4,7 h-ñ	GW-4265	39,8 j-m	<i>DP-332</i>	8,3 l-p
<i>RUMI</i>	4,8 i-ñ	CIMA	41,6 k-n	ARMADA	8,3 m-p
<i>WC-19NSSL</i>	4,9 j-ñ	ALEPO	41,7 k-n	<i>ALEXANDROS</i>	8,4 n-p
<i>KOLORIT</i>	5 k-ñ	SAN DIEGO	42 l-n	<i>CARISMA</i>	8,6 ñ-p
<i>TEX-1425</i>	5,2 l-ñ	<i>ACALA 3080</i>	42,2 m-ñ	GW-4265	8,6 ñ-p
<i>AMAZONA</i>	5,3 m-ñ	GW-4269	45 nñ	LANOVIA	8,6 ñ-p
<i>108F</i>	5,8 nñ	E1	45,7 ñ	<i>FANTOM</i>	8,6 op
<i>AI-270</i>	5,8 ñ	<u>A2-0008</u>	59,1 o	<i>ELPIDA</i>	8,7 p

ANEXO III. Continuación.

MIC		MAT	
Entrada	Media	Entrada	Media
<i>TM-1</i>	3,9 a	<i>TM-1</i>	84,7 a
<i>DP ACALA 90</i>	4,2 ab	<i>FANTOM</i>	84,9 ab
<i>WC-19NSSL</i>	4,3 a-c	<i>LAMBADA</i>	85,1 a-c
<i>DARMI</i>	4,3 a-c	<i>108F</i>	85,3 a-d
<i>LAMBADA</i>	4,3 a-c	<i>LANOVIA</i>	85,3 a-d
<i>KOLORIT</i>	4,3 a-c	<i>KOLORIT</i>	85,4 a-e
<i>AI-292</i>	4,3 a-c	<i>ELPIDA</i>	85,4 a-e
<i>ALEPO</i>	4,3 a-c	<i>ACALA MAXXA</i>	85,5 a-e
<u><i>A2-0008</i></u>	4,3 a-c	<i>TEX-1425</i>	85,5 a-e
<i>TEX-1425</i>	4,4 a-c	<i>ST-467</i>	85,5 a-e
<i>AI-270</i>	4,4 a-c	<i>BABYLON</i>	85,6 a-f
<i>SS-UPL-01</i>	4,4 a-c	<i>AMAZONA</i>	85,6 a-f
<i>ACALA MAXXA</i>	4,4 a-c	<i>WC-19NSSL</i>	85,6 a-f
<i>ACALA 3080</i>	4,4 a-c	<i>ALEPO</i>	85,7 a-g
<i>FANTOM</i>	4,4 a-c	<i>CARISMA</i>	85,7 a-g
<i>E-1</i>	4,4 a-c	<i>SP-57</i>	85,7 a-g
<i>RUMI</i>	4,4 a-c	<i>ELSA</i>	85,7 a-g
<i>CIMA</i>	4,4 a-c	<i>ALEXANDROS</i>	85,7 a-g
<i>LAGIRALDA</i>	4,5 a-c	<i>DP-332</i>	85,7 a-g
<i>ST-467</i>	4,5 a-c	<i>GW-4265</i>	85,8 a-g
<i>108F</i>	4,5 bc	<i>MISTRAL</i>	85,8 a-g
<i>SP-57</i>	4,5 bc	<i>LAGIRALDA</i>	85,8 a-g
<i>AMAZONA</i>	4,5 bc	<i>CAMPO</i>	85,8 a-g
<i>NATALIYA</i>	4,5 bc	<i>DP ACALA 90</i>	85,8 a-g
<i>LANOVIA</i>	4,5 bc	<i>DARMI</i>	85,8 a-g
<i>JUNCAL</i>	4,5 bc	<i>LIDER</i>	85,8 a-g
<i>CAMPO</i>	4,5 bc	<i>CIMA</i>	85,9 a-g
<i>AVANGARD 264</i>	4,5 bc	<i>AI-292</i>	86 a-g
<i>DP-332</i>	4,5 bc	<i>SS-UPL-01</i>	86 a-g
<i>ALEXANDROS</i>	4,5 bc	<i>RUMI</i>	86 a-g
<i>LIDER</i>	4,6 bc	<i>ARMADA</i>	86 a-g
<i>GW-4269</i>	4,6 bc	<i>AI-270</i>	86,1 b-g
<i>BABYLON</i>	4,6 bc	<u><i>A2-0008</i></u>	86,2 b-g
<i>CELIA</i>	4,6 bc	<i>AVANGARD 264</i>	86,2 c-g
<i>ELSA</i>	4,6 bc	<i>NATALIYA</i>	86,2 c-g
<i>MASSALA</i>	4,6 bc	<i>ACALA 3080</i>	86,3 c-g
<i>GW-4265</i>	4,6 bc	<i>SAN DIEGO</i>	86,3 c-g
<i>ELPIDA</i>	4,6 bc	<i>JUNCAL</i>	86,6 d-g
<i>ARMADA</i>	4,6 bc	<i>E-1</i>	86,6 d-g
<i>SAN DIEGO</i>	4,6 bc	<i>DP-377</i>	86,7 e-g
<i>DP-377</i>	4,7 bc	<i>MASSALA</i>	86,7 e-g
<i>MISTRAL</i>	4,7 bc	<i>CELIA</i>	86,9 fg
<i>CARISMA</i>	4,8 c	<i>GW-4269</i>	86,9 g

ANEXO IV. Matriz de correlaciones (43 datos) entre todos los parámetros fenotípicos analizados. Se muestran los valores de correlación de Pearson (*r*) con sus significaciones.

	AT	Atop5	NT	HNR	RF	N1RF	RV	RVF	ENC	FL	CV	CA	AB	FruTot	RET	GOT	LEN	UNF	SFI	STR	ELG	MAT	MIC
AT		0,27 ns	0,57 ***	0,68 ***	0,39 **	0,22 ns	0,25 ns	0,3 ns	-0,36 *	0,65 ***	0,23 ns	-0,24 ns	0,36 *	0,52 ***	0,17 ns	-0,05 ns	-0,26 ns	-0,21 ns	0,24 ns	-0,37 *	0,08 ns	-0,28 ns	-0,06 ns
Atop5			-0,31 *	0,6 ***	-0,35 *	0,44 **	0,1 ns	0,21 ns	-0,4 **	0,2 ns	-0,44 **	-0,14 ns	-0,07 ns	-0,23 ns	-0,18 ns	0,09 ns	-0,22 ns	-0,32 *	0,33 *	-0,31 *	-0,14 ns	-0,03 ns	-0,08 ns
NT				-0,21 ns	0,72 ***	-0,03 ns	0,24 ns	0,08 ns	-0,03 ns	0,54 ***	0,61 ***	-0,2 ns	0,3 *	0,75 ***	0,42 **	-0,2 ns	0,17 ns	0,05 ns	-0,13 ns	0,05 ns	0,07 ns	-0,04 ns	-0,03 ns
HNR					-0,17 ns	0,29 ns	0,07 ns	0,29 ns	-0,43 **	0,28 ns	-0,27 ns	-0,12 ns	0,15 ns	-0,06 ns	-0,17 ns	0,14 ns	-0,45 **	-0,28 ns	0,38 *	-0,49 ***	0,06 ns	-0,3 ns	-0,05 ns
RF						-0,52 ***	-0,24 ns	-0,22 ns	0,19 ns	0,54 ***	0,49 ***	0,26 ns	0,49 ***	0,7 ***	0,26 ns	-0,33 *	0,02 ns	-0,1 ns	0,02 ns	-0,14 ns	0,22 ns	-0,23 ns	-0,02 ns
N1RF							0,63 ***	0,44 **	-0,51 ***	0,03 ns	-0,19 ns	-0,69 ***	-0,36 *	-0,2 ns	0,1 ns	0,29 ns	0,07 ns	0,12 ns	0 ns	0,01 ns	-0,33 *	0,31 *	0,03 ns
RV								0,54 ***	-0,29 ns	0,17 ns	0,1 ns	-0,48 **	-0,16 ns	0,13 ns	0,16 ns	0,11 ns	0,14 ns	0,01 ns	0 ns	0,23 ns	-0,27 ns	0,29 ns	-0,02 ns
RVF									-0,09 ns	0,09 ns	0,23 ns	-0,38 *	0 ns	0,18 ns	0,15 ns	-0,17 ns	-0,11 ns	-0,28 ns	0,19 ns	0,09 ns	-0,07 ns	-0,03 ns	-0,1 ns
ENC										-0,23 ns	0,35 *	0,37 *	0,09 ns	0,18 ns	0,07 ns	-0,51 ***	0,01 ns	-0,07 ns	-0,03 ns	0,41 **	-0,06 ns	0,06 ns	-0,23 ns
FL											0,17 ns	-0,04 ns	0,24 ns	0,69 ***	0,4 **	-0,27 ns	0,05 ns	-0,01 ns	0,02 ns	-0,15 ns	-0,05 ns	-0,02 ns	-0,01 ns
CV												-0,31 *	0,09 ns	0,82 ***	0,6 ***	-0,06 ns	0,29 ns	0,19 ns	-0,32 *	0,37 *	0,34 *	-0,1 ns	0 ns
CA													0,45 **	-0,15 ns	-0,46 **	-0,34 *	-0,36 *	-0,4 **	0,37 *	-0,2 ns	0,07 ns	-0,13 ns	0,01 ns
AB														0,25 ns	-0,52 ***	-0,26 ns	-0,57 ***	-0,53 ***	0,54 ***	-0,27 ns	-0,01 ns	-0,22 ns	-0,13 ns
FruTot															0,64 ***	-0,24 ns	0,21 ns	0,1 ns	-0,19 ns	0,17 ns	0,24 ns	-0,1 ns	0 ns

ANEXO IV. Continuación.

	AT	Atop5	NT	HNR	RF	NIRF	RV	RVF	ENC	FL	CV	CA	AB	FruTot	RET	GOT	LEN	UNF	SFI	STR	ELG	MAT	MIC
RET																-0,07 ns	0,6 ***	0,44 **	-0,52 ***	0,32 *	0,17 ns	-0,03 ns	-0,07 ns
GOT																	0,03 ns	0,42 **	-0,28 ns	-0,07 ns	0,35 *	0,02 ns	0,42 **
LEN																		0,67 ***	-0,77 ***	0,5 ***	0 ns	0,31 *	0,1 ns
UNF																			-0,92 ***	0,44 **	0,15 ns	0,28 ns	0,28 ns
SFI																				-0,51 ***	-0,24 ns	-0,24 ns	-0,25 ns
STR																					-0,13 ns	0,43 **	-0,12 ns
ELG																						-0,56 ***	0,37 *
MAT																							0,41 **

*, ** y *** nivel de significación para $P \leq 0,05$, $P \leq 0,01$ y $P \leq 0,001$, respectivamente.
ns= no significativo.

^a AT: Altura de planta (cm), ATop5: Distancia media de los últimos 5 entrenudos apicales (cm), NT: Número total de nudos vegetativos, HNR: Distancia media de los entrenudos (cm), RF: Número ramas fructíferas, NIRF: Nudo de la primera rama fructífera, RV: Número de ramas vegetativas, RVF: Nº frutos en ramas vegetativas, ENC: Encamado (1-5), FL: Número de flores, CV: Número de cápsulas verdes, CA: Número de cápsulas abiertas, AB: Número de abscisiones, FruTot: Frutos totales, RET: Porcentaje de retención de frutos (%), GOT: % Fibra o Ginning Out-Turn (%), LEN: Longitud (mm), UNF: Índice de Uniformidad (%), SFI: Resistencia (g/tex), STR: Resistencia (g/tex), ELG: Elongación (%), MAT: Madurez (%), MIC: Micronaire.

ANEXO V. Coordenadas de las 43 variedades de algodón para cada uno de los componentes principales del análisis.

Código^a	Variedad	CP1^b	CP2	CP3	CP4	CP5
A	A2-0008	0,24	1,85	-1,54	-0,21	-0,15
B	ALEPO	-0,02	1,59	-0,94	1,14	-1,51
B	ARMADA	0,74	0,98	-1,42	0,74	-0,58
B	CIMA	-0,52	1,10	0,30	0,15	-0,80
B	E-1	0,33	1,44	-0,33	-1,67	-0,05
B	GW-4265	1,04	1,37	-0,97	0,77	0,45
B	GW-4269	0,66	2,13	0,03	-1,87	-0,75
B	LAGIRALDA	0,05	0,65	-0,94	0,43	-0,10
B	LANOVIA	-0,21	0,80	-1,94	1,55	-0,23
B	SAN DIEGO	0,30	1,45	-0,52	-0,24	-0,11
H	108F	-0,70	-0,72	1,72	0,91	-1,37
H	ACALA 3080	-0,17	-0,65	-0,18	-1,56	0,84
H	ACALA MAXXA	-0,94	-0,21	-0,10	0,07	0,60
H	AI-270	0,10	-0,02	2,36	-1,24	-1,19
H	AI-292	2,13	-0,15	1,05	-1,51	-0,18
H	ALEXANDROS	-0,29	-0,27	-0,79	0,62	1,13
H	AMAZONA	0,11	-1,40	-0,21	0,21	0,69
H	AVANGARD 264	-2,05	-0,79	-0,26	-0,23	-1,76
H	BABYLON	-0,12	0,08	0,55	0,66	0,81
H	CAMPO	0,42	0,34	1,78	0,27	0,67
H	CARISMA	1,03	0,49	1,12	1,15	0,92
H	CELIA	0,23	0,26	-0,34	-2,00	1,10
H	DARMI	0,60	-1,54	-1,41	-0,38	-1,08
H	DP ACALA 90	-0,81	-0,13	-0,19	-0,19	-0,02
H	DP-332	-1,26	0,52	0,67	0,86	0,49
H	DP-377	-1,36	-0,67	-0,43	-1,01	0,69
H	ELPIDA	-0,75	-0,27	-0,10	1,45	0,65
H	ELSA	-0,63	0,18	0,03	0,10	1,92
H	FANTOM	1,83	-0,36	1,78	1,96	-0,10
H	JUNCAL	-0,17	0,52	0,65	-1,20	0,89
H	KOLORIT	-0,30	-1,25	-1,15	0,16	-1,23
H	LAMBADA	0,89	-0,76	-0,06	0,55	0,52
H	LIDER	-0,20	0,21	-0,01	0,53	0,71
H	MASSALA	-1,02	-0,05	0,66	-1,73	0,37
H	MISTRAL	0,98	-0,94	-0,60	0,33	1,50
H	NATALIYA	-1,45	-1,07	-0,32	-0,50	-1,63
H	RUMI	0,17	-1,54	-0,81	-0,61	-1,79
H	SP-57	-0,97	-1,51	0,12	0,67	1,06
H	SS-UPL-01	0,89	-0,57	0,58	-1,04	0,55
H	ST-467	-0,95	-0,18	0,28	0,66	1,30
H	TEX-1425	3,05	-1,46	0,08	0,52	-1,47
H	TM-1	-1,35	1,50	2,35	1,06	-1,67
H	WC-19NSSL	0,42	-0,93	-0,54	-0,31	-0,06

^a A: *G. arboreum*, B: *G. barbadense*, H: *G. hirsutum*

^b En negrita están señaladas las coordenadas con valor mayor a ± 1 , marcando el peso de cada variedad en cada componente principal.

ANEXO VI. Caracterización de híbridos interespecíficos: Comparaciones de medias ($p<0,05$) y grupos homogéneos usando el método LSD. Los parámetros morfológicos, productivos y de calidad de fibra han sido evaluados en 19 combinaciones de híbridos y 2 testigos comerciales (Intercott-211 "I-211" e Intercott-670 "I-670").

AT ^a		NT		HNR		RF		N1RF		ENC		FL	
ID. ^b	Media	ID.	Media	ID.	Media	ID.	Media	ID.	Media	ID.	Media	ID.	Media
17x6	64,9 a	17x6	17,2 a	22x7	3,2 a	17x7	9,8 a	45x6	4,5 a	22x9	1 a	17x7	0,9 a
17x7	65,4 ab	45x9	17,5 ab	45x28	3,2 ab	17x6	9,9 ab	45x9	5,5 ab	21x7	1,2 ab	17x28	1 a
45x9	66 a-c	17x8	17,5 ab	21x7	3,3 a-c	45x8	11,1 a-c	I-211	5,5 ab	22x8	1,2 ab	17x8	1,2 a
17x9	66,5 a-c	17x7	18,4 a-c	22x6	3,5 a-d	21x6	11,2 a-c	17x8	5,5 ab	21x9	1,2 ab	21x28	1,5 ab
22x7	67,5 a-d	17x9	18,8 a-d	22x9	3,5 a-d	21x28	11,5 a-d	17x9	5,5 ab	22x7	1,3 a-c	I-211	1,7 ab
17x8	67,7 a-d	21x6	19,2 a-e	21x9	3,5 a-d	17x9	11,5 a-d	21x9	5,7 a-c	21x8	1,4 a-c	22x7	2,3 a-c
45x28	68 a-e	I-211	19,3 a-e	I-670	3,5 b-e	45x9	11,5 a-d	22x6	6 b-d	45x9	1,4 a-c	21x8	2,5 a-c
21x6	70,2 a-f	45x8	19,8 b-e	21x8	3,6 c-f	17x8	11,5 a-d	21x6	6 b-d	45x8	1,5 a-d	45x7	3 a-d
45x8	70,3 a-f	21x28	20 c-e	17x7	3,6 c-f	17x28	11,7 a-d	45x8	6,1 b-e	21x28	2 b-e	21x7	3,4 a-e
21x7	70,7 a-f	17x28	20,2 c-f	17x9	3,6 c-f	22x7	12 a-d	17x6	6,3 b-e	45x28	2 b-e	45x9	3,7 a-e
17x28	72,8 a-g	45x6	20,3 c-f	45x8	3,6 c-f	I-211	12 a-d	I-670	6,3 b-e	22x6	2 b-e	17x6	3,9 a-f
22x9	73 a-g	22x8	20,5 c-f	17x28	3,6 c-f	45x7	12,3 b-d	22x9	6,5 b-e	17x9	2 b-e	21x6	4,2 a-f
21x8	73 a-g	45x7	20,5 c-f	21x28	3,7 d-g	45x28	12,5 cd	21x8	6,7 b-f	17x8	2,2 c-f	21x9	4,6 a-f
21x28	73,5 b-g	21x8	20,7 c-f	45x7	3,7 d-g	22x8	12,8 c-e	22x8	6,8 b-f	21x6	2,3 d-f	45x28	5 a-f
I-670	73,8 c-g	I-670	20,9 d-f	21x6	3,7 d-g	21x7	12,8 c-f	45x7	6,8 b-f	45x7	2,5 ef	45x6	5,5 a-f
45x7	75,5 d-g	45x28	21 d-f	22x8	3,8 d-g	22x9	13 c-f	45x28	7 c-f	17x7	2,5 ef	22x9	6 b-f
I-211	75,8 e-g	22x9	21 d-f	45x9	3,8 d-g	21x8	13 c-f	21x7	7,3 d-f	17x28	2,7 ef	22x6	6,3 c-f
22x8	77 fg	22x7	21,2 d-f	17x6	3,8 d-g	I-670	13,7 d-f	17x28	7,3 d-f	I-211	2,7 ef	45x8	7,1 d-f
45x6	78 fg	21x7	21,5 ef	45x6	3,8 e-g	45x6	13,8 d-f	17x7	7,3 d-f	I-670	3 f	17x9	7,7 ef
22x6	78,1 fg	22x6	22,5 f	17x8	3,9 fg	22x6	15,2 ef	21x28	7,5 ef	17x6	3 f	I-670	7,9 ef
21x9	78,8 g	21x9	22,6 f	I-211	4 g	21x9	15,2 f	22x7	8 f	45x6	3 f	22x8	8,5 f

^a AT: Altura de planta (cm), ATop5: Distancia media de los últimos 5 entrenudos apicales (cm), NT: Número total de nudos vegetativos, HNR: Distancia media de los entrenudos (cm), RF: Número ramas fructíferas, N1RF: Nudo de la primera rama fructífera, ENC: Encamado (1-5), FL: Número de flores.

^b Códigos de variedades: Upland (17-Lider; 21-Amazona; 22-Celia; 45-Elipida); Pima (6-Alepo; 7-Cima; 8-Armada; 9-Lanovia; 28-GW-4269); Testigos (I-211, Intercott-211; I-670, Intercott-670).

ANEXO VI. Continuación.

CA ^a		AB		FruTot		Pcap		GOT		RtoFib		RtoBru	
ID. ^b	Media	ID.	Media	ID.	Media	ID.	Media	ID.	Media	ID.	Media	ID.	Media
21x8	8,2 a	21x28	2,5 a	21x6	12,4 a	45x28	3,7 a	21x8	32 a	21x7	1257,1 a	21x7	3508 a
I-670	9,3 ab	17x28	3,5 ab	22x9	12,5 a	45x9	3,7 a	21x9	33,2 ab	21x28	1258,6 a	21x28	3669 a
45x8	9,4 a-c	45x8	3,7 ab	45x8	12,7 a	21x8	3,9 ab	22x8	33,5 bc	45x28	1382,3 ab	45x28	3975 ab
22x9	9,5 a-c	17x7	3,8 a-c	I-670	13,3 ab	21x28	4 a-c	17x9	33,5 bc	21x8	1412 a-c	21x6	4129,7 a-c
45x7	9,8 a-d	45x28	4,5 a-c	21x28	13,4 ab	21x9	4 a-c	17x8	33,6 bc	21x6	1466,5 a-c	21x8	4373,3 a-d
21x28	10 a-e	17x9	4,5 a-c	45x9	14 a-c	17x9	4 a-c	17x28	33,7 b-d	45x8	1735,6 a-d	45x8	5085 a-e
22x8	10 a-e	45x7	4,5 a-c	45x6	14,8 a-c	45x6	4 a-c	45x8	34,1 b-e	22x7	1828 a-e	22x7	5156,3 a-f
22x7	12,3 b-f	22x6	4,7 a-c	21x8	14,8 a-c	45x8	4,1 b-d	22x9	34,3 b-f	45x9	1855,4 a-e	45x6	5340,3 a-f
17x28	12,3 b-f	21x6	4,7 a-c	45x7	15,3 a-c	21x7	4,2 b-e	21x28	34,3 b-f	45x6	1898,1 a-e	45x9	5407,3 a-f
21x6	12,3 b-f	22x8	5 a-d	22x8	15,3 a-c	22x9	4,2 b-f	45x9	34,3 b-g	17x7	1913,1 a-e	17x7	5445 a-f
45x9	12,8 b-f	22x9	5 a-d	21x7	15,5 a-c	22x8	4,2 c-g	I-211	34,6 c-h	17x28	2041,5 b-e	I-670	5950,3 b-f
45x6	13 c-f	I-211	5,2 a-e	22x7	15,9 a-d	17x8	4,4 c-h	45x28	34,7 c-h	17x9	2101,6 b-e	17x28	6074,7 b-f
21x9	13,3 d-f	21x8	5,8 a-e	45x28	15,9 a-d	17x6	4,4 c-h	45x7	34,9 d-h	22x8	2168 c-e	17x9	6280,3 c-f
21x7	13,5 ef	22x7	6 a-e	17x7	16,5 a-d	21x6	4,5 d-h	17x7	35,2 e-h	21x9	2184,1 c-e	22x9	6375,7 c-f
17x8	13,5 ef	45x9	6,5 b-f	17x9	17,3 b-e	17x28	4,5 e-h	17x6	35,3 e-h	22x9	2185,8 c-e	22x8	6487 d-g
17x6	14,3 fg	17x6	6,5 b-f	17x28	18,2 c-f	17x7	4,6 f-h	22x6	35,3 e-h	I-670	2188,1 c-e	21x9	6604,3 d-g
17x7	14,4 fg	21x7	6,8 b-f	17x8	18,2 c-f	45x7	4,6 gh	22x7	35,5 f-h	17x8	2398,5 d-f	17x8	7150 e-g
17x9	14,5 fg	I-670	7,3 c-f	I-211	20,2 d-f	I-670	4,6 h	21x6	35,6 g-i	22x6	2534,2 ef	22x6	7178,7 e-g
45x28	15 fg	45x6	8,3 d-f	22x6	21,2 ef	22x7	4,7 h	45x6	35,6 hi	17x6	2574,3 ef	17x6	7279,3 e-g
22x6	15,7 fg	17x8	8,7 ef	17x6	21,3 ef	22x6	4,7 h	21x7	35,8 hi	45x7	2578,9 ef	45x7	7409 fg
I-211	17,3 g	21x9	9,6 f	21x9	22,5 f	I-211	4,7 h	I-670	36,8 i	I-211	3001,7 f	I-211	8705,3 g

^a CA: Número de cápsulas abiertas, AB: Número de abscisiones, FruTot: Frutos totales, Pcap: Peso medio por cápsula (g), GOT: % Fibra o Ginning Out-Turn (%), RtoFib: Rendimiento de fibra final (kg/ha), RtoBru: Rendimiento bruto final (kg/ha).

^b Códigos de variedades: Upland (17- Lider; 21-Amazona; 22-Celia; 45-Elpida); Pima (6-Alepo; 7-Cima; 8-Armada; 9-Lanovia; 28-GW-4269); Testigos (I-211, Intercott-211; I-670, Intercott-670).

ANEXO VI. Continuación.

LEN ^a		STR		ELG		MIC		MAT		BRI		+b	
ID. ^b	Media	ID.	Media	ID.	Media	ID.	Media	ID.	Media	ID.	Media	ID.	Media
17x6	35,2 a	21x9	38 a	22x6	5,4 a	45x9	3,4 a	45x9	84,7 a	45x7	71,9 a	22x9	8,8 a
22x7	35,3 a	45x9	38,2 ab	45x28	5,6 ab	21x28	3,5 ab	17x9	84,7 a	17x28	72 ab	22x8	9,2 ab
22x6	35,7 ab	45x6	38,4 a-c	22x8	5,7 a-c	45x28	3,5 a-c	45x8	85 ab	17x7	72,1 a-c	22x6	9,2 bc
21x7	36 a-c	22x9	38,4 a-c	21x28	5,8 a-d	21x8	3,6 a-d	45x28	85 ab	I-211	72,6 a-d	I-670	9,2 bc
I-670	36 a-c	I-670	38,6 a-d	22x7	6 a-e	45x8	3,6 a-d	17x8	85 ab	22x7	72,9 a-e	45x9	9,3 bc
21x6	36 a-c	45x8	38,9 a-e	I-670	6 a-e	21x9	3,6 a-d	22x9	85 ab	21x28	73,3 b-e	45x8	9,4 b-d
17x8	36,1 a-c	21x8	39,1 a-f	17x28	6 b-f	17x9	3,7 b-e	21x9	85 ab	45x6	73,4 c-f	45x28	9,5 b-e
17x7	36,1 a-c	17x8	39,2 a-g	21x7	6,1 b-f	17x8	3,8 c-f	21x28	85 ab	21x6	73,4 c-f	21x6	9,6 b-f
17x28	36,4 a-d	17x9	39,7 a-g	22x9	6,1 b-f	22x9	3,8 d-g	21x8	85 ab	21x7	73,8 d-g	17x8	9,6 b-f
I-211	36,4 a-e	21x6	39,9 a-g	21x8	6,1 b-f	45x7	3,9 e-h	45x7	85,7 bc	17x6	73,9 e-g	45x6	9,6 b-f
17x9	36,6 b-f	22x8	40,1 b-h	45x9	6,1 b-f	22x8	3,9 e-h	22x8	86 cd	22x6	74 e-h	21x9	9,6 c-f
21x8	36,8 b-f	45x7	40,4 c-h	17x7	6,2 c-g	22x7	4 f-i	45x6	86 cd	21x9	74,7 f-i	17x9	9,8 d-g
22x8	37 c-f	22x6	40,5 d-h	21x9	6,2 c-h	17x28	4,1 g-j	21x6	86 cd	45x28	74,7 f-i	21x7	9,8 d-g
45x7	37,1 c-f	I-211	40,7 e-i	I-211	6,3 c-i	21x7	4,1 h-k	17x28	86,3 cd	22x9	75 g-i	22x7	9,9 d-g
22x9	37,1 c-g	17x6	40,9 f-j	45x7	6,3 d-i	21x6	4,1 h-l	22x7	86,3 cd	17x9	75,3 hi	21x28	9,9 e-g
21x9	37,5 d-g	45x28	41,2 g-j	21x6	6,5 e-j	17x7	4,3 l-l	17x7	86,3 cd	45x8	75,4 i	45x7	9,9 e-g
45x8	37,6 d-g	17x7	42 h-k	45x8	6,6 f-j	I-211	4,3 j-l	21x7	86,3 cd	17x8	75,5 i	17x28	10 fg
21x28	37,6 e-g	22x7	42,6 l-k	17x8	6,7 g-j	17x6	4,4 k-m	I-211	86,7 d	21x8	75,5 i	21x8	10 fg
45x6	37,7 fg	21x7	42,7 jk	17x6	6,8 h-j	45x6	4,4 lm	17x6	86,7 d	I-670	75,8 ij	17x6	10 fg
45x9	37,7 fg	17x28	43,8 k	17x9	6,8 ij	22x6	4,6 mn	22x6	88 e	22x8	77 j	I-211	10,2 g
45x28	38,3 g	21x28	46,3 l	45x6	6,9 j	I-670	4,8 n	I-670	88 e	45x9	77 j	17x7	10,2 g

^a LEN: Longitud (mm), STR: Resistencia (g/tex), ELG: Elongación (%), MIC: Micronaire, MAT: Madurez (%), BRI: Brillo de la fibra (%Rd), +b: Amarillez de la fibra (+b).

^b Códigos de variedades: Upland (17- Lider; 21-Amazona; 22-Celia; 45-Elpida); Pima (6-Alepo; 7-Cima; 8-Armada; 9-Lanovia; 28-GW-4269); Testigos (I-211, Intercott-211; I-670, Intercott-670).

